

EESTI MAAÜLIKOOL

Põllumajandus- ja keskkonnainstituut

Freddy Rohtla

**KONNAKOTKASTE ERISTAMINE MITTEINVASIIVSELT  
KOGUTUD SULGEDE MORFOLOOGILISE JA  
GENEETILISE ANALÜÜSI PÕHJAL**

IDENTIFICATION OF SPOTTED EAGLES BY  
MORPHOLOGICAL AND GENETIC ANALYSIS OF  
NONINVASIVELY COLLECTED FEATHERS

Magistritöö

Kalanduse ja rakendusökoloogia õppekava

Juhendaja: Ülo Väli PhD

Tartu 2021

Eesti Maaülikool Kreutzwaldi 1, Tartu 51014		Magistritöö lühikokkuvõte	
Autor: Freddy Rohtla		Õppekava: Kalandus ja rakendusökoloogia	
Pealkiri: Konnakotkaste eristamine mitteinvasiivselt kogutud sulgede morfoloogilise ja geneetilise analüüsi põhjal			
Lehekülgi: 63	Jooniseid: 17	Tabeleid: 2	Lisasid: 13
Osakond: Põllumajandus- ja keskkonnainstituut			
Uurimisvaldkond: B320 Süstemaatiline botaanika, zooloogia, zoogeograafia ja ETIS valdkond 1.4 Ökoloogia, biosüstemaatika ja -füsioloogia			
Juhendaja: Ülo Väli			
Kaitsmiskoht ja –aasta: Tartu, 2021			
<p>Töö tausta kirjeldus: Käesoleva magistritöö eesmärk oli leida meetod, kuidas eristada sulgede morfoloogia põhjal suur- ja väike-konnakotkast ning nende hübriide. Töös kasutatud suled koguti aastatel 1999-2020. Suled mõõdeti ning määrati suletüübini. Järgnevalt leiti kaheksa morfoloogilist tunnust, mille abil prooviti eristada konnakotkaliike, nendevahelisi 1. põlvkonna hübriide ja tagasiristandeid.</p> <p>Töö tulemused: Enamik tunnustest olid potentsiaalselt kasutatavad uuritud rühmade eristamisel, kuid kõik tunnused polnud sarnase potentsiaaliga. Suurimad rühmadevahelised erinevused leiti arvuliste väärtustega kirjeldatud tunnuste abil, väiksemat eristuspotentsiaali omasid visuaalselt kirjeldatud tunnused. Paljud tunnused töötavad kombinatsioonides paremini, kui iseseisvalt. Mõne tunnuse eristusjõu kinnitamiseks tuleks valimit teatud rühmades suurendada.</p>			
Märksõnad: Sulgede morfoloogia, konnakotkad, hübriidid, tagasiristandid			

Estonian University of Life Sciences Kreutzwaldi 1, Tartu 51014		Abstract of Masters Thesis	
Author: Freddy Rohtla		Speciality: Fishery and applied ecology	
Title: Identification of spotted eagles by morphological and genetic analysis of noninvasively collected feathers			
Pages: 63	Figures: 17	Tables: 2	Appendixes: 13
Department: Field of research: B320 Systematic botany, zoology, zoogeography, ecology, biosystematics and physiology Supervisor: Ülo Väli Place and date: Tartu 2021			
<p>The purpose of this masters thesis is to find solutions to distinguish between the two spotted eagle species and their hybrids by analysing feather morphology. The feathers were collected in 1999-2020. The feathers were firstly identified by type and measured for their length. Following that, eight morphological features were detected and used to distinguish the two spotted eagle species, their hybrids and backcrosses.</p> <p>Results of the thesis: Most of the morphological features had a potential to distinguish the two spotted eagle species, their hybrids and backcrosses, but they were not all equal. The best results were obtained from the quantitative features, showing the biggest differences between the two species, their hybrids and backcrosses. Visually described features showed smaller potential to distinguish the studied groups. Several features perform better in combinations. Increasing sample size in certain groups is necessary to verify the findings of this thesis.</p>			
Keywords: Feather morphology, spotted eagles, hybrids, morphological features, backcrosses			

# SISUKORD

SISSEJUHATUS.....	5
1. KIRJANDUSE ÜLEVAADE.....	6
1.1 Suur-konnakotka olukord maailmas ja Eestis .....	6
1.2 Väike-konnakotka olukord maailmas ja Eestis .....	7
1.3 Konnakotkaste ristumise põhjused ja tagajärjed .....	8
1.4 Loomaliikide morfoloogiline eristamine .....	10
1.4.1 Lähiliikide morfoloogiliste erinevuste põhjused .....	10
1.4.2 Konnakotkaste eristamine .....	11
1.4.3 Mitteinvasiivsed meetodid morfoloogiauuringutes .....	12
1.5 Geneetiliste meetodite kasutamine lähiliikide eristamisel.....	14
2. MATERJAL JA METOODIKA .....	16
2.1 Sulgede morfoloogiline analüüs .....	16
2.2 Geneetiline analüüs.....	17
2.3 Andmeanalüüs .....	20
3. TULEMUSED.....	21
4. ARUTELU .....	38
4.1 Sulgede morfoloogia kasutusvõimalused konnakotkauuringutes.....	38
4.2 Kvalitatiivsed tunnused .....	39
4.3 Kvantitatiivsed tunnused .....	39
KOKKUVÕTE.....	42
KASUTATUD KIRJANDUS .....	43
SUMMARY .....	48
LISAD .....	49

## SISSEJUHATUS

Tänapäeva muutuv maailmas, kus liike ohustab järjepidev elupaikade hävitamine, tuleb haruldaste liikide uurimisele ja kaitsele üha rohkem tähelepanu pöörata. Kotkad on kujunenud looduskaitse sümboliks ning nende uurimine on olnud looduskaitsebioloogia esirinnas. Käesolevas töös käsitletakse kaht Eesti kotkaliiki – suur- ja väike-konnakotkast. Mõlemad liigid on Eestis range kaitse all ning suur-konnakotkas on ohualdis kogu maailmas. Konnakotkad on välimuselt üksteisele väga sarnased, mistõttu on nende eristamine keeruline. Liikidevaheline ristumine ja hübriidide määramine on samuti aktuaalne, kuna see mõjutab tänapäeval haruldase suur-konnakotka arvukust Eestis ja mujal levilate kattuvusalal. Sellest tulenevalt sai valitud ka käesoleva lõputöö teema.

Lõputöö eesmärgiks on leida tunnuseid, mis aitaks välitingimustes eristada kaht konnakotkaliiki, nende hübriide ja tagasiristandeid üksteisest, uurides nende sulgede morfoloogiat. Töö kirjanduse ülevaade kajastab konnakotkaste olukorda nii Eestis kui ka maailmas ning toob välja põhjused, miks konnakotkad ristuvad omavahel ja mis on ristumise tagajärjed. Lisaks võrreldakse liikide määramist morfoloogiliste ja geneetiliste meetoditega. Töö praktilises osas kasutati geneetiliste analüüsidega identifitseeritud sulgi, et välja töötada sobiv sulgede morfoloogial põhinev meetod kahe konnakotkaliigi, nende hübriidide ja tagasiristandite eristamiseks. Magistritöö on järg samateemalisele bakalaureusetööle (Rohtla 2018).

# 1. KIRJANDUSE ÜLEVAADE

## 1.1 Suur-konnakotka olukord maailmas ja Eestis

Suur-konnakotka (*Clanga clanga*) asustab tänapäeval killustatud alasid Euraasias, pesitsedes Eestis, Poolas, Valgevenes, Venemaal, Ukrainas, Kasahstanis, Mandri-Hiinas ja Mongoolias, vähesed isendid võivad pesitseda veel Soomes ja Leedus (BirdLife International 2021a). Talvituvad või läbirändavad linnud esinevad Ida-Euroopas, Põhja- ja Ida-Aafrikas, Lähis-Idas ja Araabia poolsaarel, Indias ning Lõuna- ja Kagu-Aasias (BirdLife International 2021a).

Suur-konnakotka arvukus Euroopas on hinnanguliselt 770-1000 paari (1500-2100 isendit), kuid ennustatakse, et arvukus kahaneb järgmise 50 aasta (kolme põlvkonna) jooksul 50-79% ning vähemalt 20% järgmise 33 aasta (kahe põlvkonna) jooksul (BirdLife International 2015a). Kuna Euroopa moodustab 25-49% ülemaailmsest levikualast, siis on maailma arvukuseks hinnatud 5000-13200 isendit, kellest 3300-8800 on täiskasvanud (BirdLife International 2017). Liigi arvukus on viimasel aastakümnetel mõõdukalt langenud elupaikade kadumise ning talvitumis- ja sigimisalade kvaliteedi halvenemise tõttu, suurt rolli mängib ka vaenamine inimese poolt ja konkurents teiste kiskjatega (röövlinnud ja imetajad) (BirdLife International 2017). Suur-konnakotka seisund maailmas on hinnatud ohualtiks (ingl: *Vulnerable*) (BirdLife International 2017) ja Euroopas ohustatud (ingl: *Endangered*) (BirdLife International 2015a).

Esimene usaldusväärne arvukushinnang Eesti suur-konnakotkaste kohta saadi 1997. aastal (Lõhmus 1998). Selle kohaselt leidis Eestis tol ajal 20-30 suur-konnakotka pesitsusterritooriumi, seejuures võis esineda kuni 10 segapaari väike-konnakotkaga (Lõhmus 1998). See oli Euroopa Liidu mastaabis arvestatav suur-konnakotka asurkond (Väli & Lõhmus 2000: 6). Käesoleva sajandi alguses langes Eestis pesitsevate suur-konnakotkaste paaride arv järsult. Suurim langus toimus perioodil 2004-2010, millal arvukus langes igal aastal ligi 14%; järgneva perioodi jooksul (2010-2014) arvukus stabiliseerus väga madala taseme juures (5-10 paari) (Väli 2015).

## 1.2 Väike-konnakotka olukord maailmas ja Eestis

Väike-konnakotka (*Clanga pomarina*) arvukuseks Euroopas on hinnatud umbes 16 400–22 100 paari ehk 32 800–44 200 täiskasvanud isendit (BirdLife International 2021b). Pesitsusalad jäävad Ida-Euroopasse ning ülejäänud alad asuvad Lähis-Idas, Kesk-ja Lõuna-Aafrikas, kus nad talvituvad (BirdLife International 2021b). Maailma asurkonna arvukuseks on hinnatud umbes 44 900–60 500 täiskasvanud isendit, aga see hinnang vajab kinnitust (BirdLife International 2021b). 2014. aastal Türgi lõunaosas läbiviidud uuringul loendati 47 594 isendit (BirdLife International 2021b). Samas 2008. aastal loendati ca 58 000 isendit rändamas üle Bosporuse väina, mis on põhiline läbirände koht kogu asurkonnale (Fülop et al. 2014). Nii Euroopas kui ka maailmas on väike-konnakotkad soodsas seisundis (ingl: *Least Concern*) (BirdLife International 2015b, 2016)

Aegade jooksul on Eesti väike-konnakotka arvukuse kohta antud väga erinevaid hinnanguid (Väli 2003: 4). Ilmselt leidus 19. sajandi lõpul Eestis väike-konnakotkaid mõnevõrra vähem kui praegu, kuid arvukus langes märgatavalt 20. sajandi esimestel kümnenditel inimesepoolse vaenamise tõttu (Lõhmus & Väli 2001). Ehkki pärast asurkonna taastumist möödunud sajandi keskel saabus mitmelt poolt teateid konnakotkaste arvu vähenemisest, püsis koguarvukus ilmselt suhteliselt stabiilsena; aset leidis aga ökoloogilise niši vahetumine – traditsioonilised pesitsuspaigad jäid tühjaks ja kotkad asusid pesitsema kultuurmaastiku naabrusse (Lõhmus & Väli 2001). Arvukust hinnati toona vähemalt 50 paarile, kuid see võis olla ka mitmeid kordi suurem, sest selle liigi uurimisele ei pandud tol ajal veel eriti suurt rõhku (Väli 2003: 4). 2002. aasta lõpul hinnati arvukuseks umbes 500–600 paari (Väli 2003: 4). Aastatel 1994–2014 püsis väike-konnakotka asurkond stabiilsena, kuigi 90ndatel oli arvukus mõnevõrra madalam kui 2000ndatel (Väli 2015). Vahemikul 2004–2006 kirjeldati väikest kahanemist, aga pärast 2012. aastat oli asurkond juba suurenemas (Väli 2015). Praeguseks on väike-konnakotka asurkonna suurust täpsustatud ning seda hinnatakse umbes 600–700 paarile (Väli 2015). Eesti arvukust peetakse stabiilseks, mis on märkimisväärne, sest mitmed Euroopa asurkonnad (näiteks Saksamaal, Lätis ja Leedus) on viimastel kümnenditel kahanenud (Väli 2015). Kuigi arvukus on olnud stabiilne ja viimastel aastatel isegi tõusnud, tuleb väike-konnakotka uurimisele ja kaitsesele Eestis endiselt tähelepanu pöörata (Väli 2015).

### 1.3 Konnakotkaste ristumise põhjused ja tagajärjed

Lindudel on leitud kaks peamist mustrit, mis soodustavad hübriidiseerumist. Esiteks, kõige sagedamini ristuvad liigid, kelle pesitsusalad üksteisega kattuvad (Aliabadian & Nijman 2007). Teiseks, haruldased ja ohustatud linnuliigid on sagedasemad ristujad kui teised linnuliigid (Hubbs'i printsiip), kuna nendel liikidel esineb suurem partnerite puudus (Randler 2002). Mõlemad tingimused on täidetud konnakotkastel, kes ristuvad omavahel (Väli 2004, Maciorowski et al. 2015a). Sümpatriliselt elavad konnakotkad Ida-Poolas, Baltimaades, Lääne-Venemaal ja Musta mere ümbruses (Kesk-Ukraina) ning seeläbi moodustub vähemalt 1700 km laiune kokkupuutetus (Väli et al. 2010a). Liikide haruldus mängib samuti suurt rolli, kuna suur-konnakotkas on üks haruldasemaid linnuliike Euroopas (BirdLife International 2018a). Väike-konnakotkas on samuti vähearvukas linnuliik, kuid tema asurkond on riikides, kus hübriidiseerumine aset leiab, oluliselt suurem kui suur-konnakotkal (BirdLife International 2018b).

Konnakotkastel esineb asümmeetriline hübriidiseerumine ehk 81% ristumise juhtumitest on isane väike-konnakotkas paaritunud emase suur-konnakotkaga (Väli et al 2010a). Seda saab seletada mitmeti. Esiteks ristuvad haruldase liigi emasloomad pigem tavapärase liigi isasloomadega, kuid mitte vastupidi, kuna emasloomade valivus mängib suurt rolli (Wirtz 1999). Teiseks on näidatud, et suuremakasvulised väike-konnakotka emaslinnud on edukamad pesitsejad ning isaslinnud võivad seetõttu suurema kehasuurusega emaslinde eelistada (Lõhmus & Väli 2004). Seeläbi võib olla ka soodustatud paaride moodustumine väiksema liigi (väike-konnakotka) isastest ja suurema liigi (suur-konnakotka) emastest (Helbig et al. 2005, Väli et al. 2010a). Kolmandaks, paljudel loomadel valivad just isased territooriumi ning emasloomad valivad omale partneri (Wirtz 1999). Suur-konnakotkaste isaslindudel ei pruugi olla võimalik hõivata enda territooriumi, sest sobilike elupaiku ei leidu, mistõttu nad jäävad tihti hulkuvateks; suur-konnakotka emaslinnud on aga valmis pesitsema väike-konnakotka isaslindudega, kes omavad territooriumi (Lõhmus & Väli 2001, Väli et al 2010a). Neljandaks, konnakotkaste emaslinnud on isastest vähem paigatruud, mistõttu nad asustavad tihti alasid oma sünnikohast kaugemal; oma hõredalt asustatud levilas võivad suur-konnakotka emaslinnud seega asustada paiku, kus oma liigist isaslinnud puuduvad ning moodustada paare arvuka väike-konnakotka isaslindudega (Maciorowski et al. 2015a). Kokkuvõttes võib nentida, et ehkki mitte-liigispetsiifiline paarilise valik on peamine otsene põhjus segapaaride tekkeks, mängivad mitmed sugulise valikuga seotud tegurid ilmselt samuti suurt rolli (Lõhmus & Väli 2005).



Ka sobivate elupaikade kadumine võib suurendada hübriidiseerumise sagedust (Lõhmus & Väli 2005). Suur-konnakotkas on liik, kes asustab inim mõjutusteta, märgaladega kaetud maastikku, samal ajal kui väike-konnakotkas asustab peamiselt laialdase kasutusega põllumaid (Maciorowski et al. 2015b). Eestis läbiviidud uuringus leiti, et suur-konnakotkad eelistavad pesitseda veekogude läheduses ja avatud loodusmaastikel, väike-konnakotkad aga hoiduvad sellistest elupaikadest eemale (Lõhmus & Väli 2005). Samas ei leitud ühtegi märgatavat elupaiga tunnuse erinevust segapaaride ja suur-konnakotka paaride vahel, seega arvati, et segapaarid asustavad tõenäoliselt endiseid suur-konnakotka territooriume (Lõhmus & Väli 2005). Poolas läbiviidud uuring näitas, et hübriidiseerumine leiab aset enamasti sellistel märgaladel, mis pakuvad vahepealseid sobilike olusid nii väike-konnakotkale kui ka suur-konnakotkale (Maciorowski et al. 2015b).

Hübriidsed konnakotkad on elujõulised ja võimelised andma järglasi ning Euroopa asurkonnas on leitud ka tagasiristandeid liikide ja hübriidide vahel (Väli et al. 2010a). Kahaneva suur-konnakotka asurkonna puhul on see tekitanud olukorra, kus segapaarid on muutunud arvukamaks kui suur-konnakotkapaarid (Väli 2011, 2015). Kuna segapaarid on ilmselt tekkinud eeskätt kunagistele suur-konnakotkapaaride pesitsusterritooriumidele, vajavad ka segapaarid suur-konnakotkastele sarnast kaitset, et tagada suur-konnakotkastele kõrge kvaliteediga elupaigad, kui nende arvukus tulevikus peaks taastuma (Lõhmus & Väli 2005). Kuna ühtegi seirekava konnakotkaste uurimiseks terve areaali ulatuses pole koostatud, on raske öelda, kas hiljuti täheldatud hübriidiseerumise juhtumid on tegelikult tõusmas või mitte (Maciorowski et al. 2015a). Siiski oli hübriidiseerumine minevikus tõenäoliselt haruldasem, kuna suur-konnakotka arvukus oli suurem ja kahe liigi elupaigad olid selgemini eristatavad (Maciorowski et al. 2015a).

## 1.4 Loomaliikide morfoloogiline eristamine

### 1.4.1 Lähiliikide morfoloogiliste erinevuste põhjused

Enamus morfoloogilisest erinevustest väljendub läbi kehamõõtmete, nagu näiteks pikkus ja läbimõõt, mis iseloomustavad isendite kehaehitust, jõulisust ja saledust ning millel on märkimisväärne olulisus isendi elumusele (Pakkasmaa & Piironen 2000). Erinevusi leidub ka kehaosade pikkuses ja kujus, mida mõjutab liiki ümbritsev keskkond ja geograafiline asukoht (Pakkasmaa & Piironen 2000). Seda kinnitab Bergmanni reegel, mis väidab, et lähedalt seotud püsisoojaste liikide isendid on soojusregulatsiooni tõttu suuremad külmema kliimaga aladel (Salewski & Watt 2016) ja Alleni reegel, mis väidab, et külmemas kliimas on püsisoojaste isendite jäsemed ja muud kehaosad lühemad võrreldes sarnaste liikide isenditega soojemast kliimast (Feldhamer et al. 2007). Nii eraldatus kui ka piiratud hajumine mõjutab liikide eristamisvõimalusi. Aktiivse rändega liikidel on asurkondade vaheline ruumiline eraldatus väike ning liigisisest jagunemist esineb minimaalselt (Winker 2010). Uuringud näitavad, et sugulasliigid, kes on üksteisega sarnased, erinevad morfoloogiliselt erinevate keskkonnaparametrite (temperatuur, sademed, toidurikkus ja varieteet) tõttu oma elukohas, mis on seotud kohanemisega oma ümbritseva keskkonnaga (Pakkasmaa & Piironen 2000). Tänu rände evolutsioonilisele arengule on liigid hakanud erinema üksteisest üha rohkem, kuna ränne avab uusi ja avastamata elupaikasid liikidel, kes on ajalooliselt olnud paiksed (Winker 2010).

Bergmanni reegel kehtib ka röövlindude puhul. Uuriti seitset öise eluviisiga röövlinnu liiki (kakulisi) ja leiti, et viiel liigil, kelle elupaigad asuvad erinevatel mandritel, on keha suurus väiksem seal, kus kliima on soojem ning elupaigad asuvad madalamatel kõrgustel (Romano et al. 2020). Suurim erinevus oli liikidel, kes asustasid sama mandrit. Üks võimalik seletus sellele on, et keha suuruse erinevus on tingitud kohalikest mõjudest, mis esinevad erinevates paikades liigi areaalis, ning mitte temperatuuri või laiuskraadide mõjust (Romano et al. 2020). Alati ei pruugi mõjuriks olla laiuskraad või temperatuur, vaid muud kohalikud keskkonnategurid (Meiri et al. 2007).

Uuring nokapikkusest näitas, et sarnaselt Bergmanni reeglile, mis keskendub keha suurusele, kehtib röövlindudel ka Alleni reegel. Leiti, et külmemates ja kõrgemates elupaikades on kakuliste nokad lühemad kui soojemates ja madalamates elupaikades (ekvaatori lähistel) (Romano et al. 2019). Pikkuse varieeruvuse analüüs näitas, et nokk on tähtis soojusvahetuse pind öise eluviisiga röövlindudel, kellel pole otsest kontakti päikesekiirgusega (Romano et al.

2019). Jäsemete pikkus mängib samuti suurt rolli soojuse kadumises. Merelindude (kajaklaste ja tiirlaste) puhul on leitud, et külmemate elupaikade isenditel on jalad lühemad, seetõttu on neil vähem sulgedega katmata naha-ala, mis väldib liigset soojuskadu (Nudds & Oswald 2007).

#### **1.4.2 Konnakotkaste eristamine**

Konnakotkaste määramist on tänapäevaks palju uuritud ning nende liigispetsiifilised välistunnused on üpris hästi teada, siiski on nende eristamine endiselt küllaltki keeruline ülesanne (Lontkowski & Maciorowski 2010). Kaks liiki on lihtsamini eristatavad noorlindude eluperioodil ning teatud tunnused on nähtavad ka juba pesapoja staadiumis (Lõhmus & Väli, Lontkowski & Maciorowski 2010). Näiteks suur-konnakotkaste noorlindude sulestik on paremini eristatavam kui väike-konnakotkaste noorlindude sulestik, kuna suur-konnakotkaste eristamistunnused on tihedamini esinevad – nagu mustri ja vöötide puudumine sisemistel labahoosulgedel ja küünrahoosulgedel (Lontkowski & Maciorowski 2010). Kõik kolm taksonoomilist gruppi (väike-konnakotkad, suur-konnakotkad ja hübriidid) on sulestikutunnuste abil paremini eristatavad, kui suuruse kaudu, sest märkimisväärne osa isendite suuruse erinevusest tuleneb soolisest dimorfismist (emased isendid on tunduvalt suuremad kui isased) (Väli & Lõhmus 2004). Määramine on kõige tulemuslikum siis, kui arvestatakse nii sulestikutunnuseid kui mõõtmeid (Väli & Lõhmus 2004). Säärasel kompleksel määramisel on võimalik eristada ka hübriide, kellel on enamasti vahepealne fenotüüp võrreldes kahe vanemliigiga (Väli & Lõhmus 2004, Lontkowski & Maciorowski 2010). Sarnaselt fenotüübiga esineb hübriididel ka vahepealsed sulestiku tunnused, mille abil saab eristada hübriide kahest vanemliigist (Väli & Lõhmus 2004). Kõige iseloomulikumaks konnakotkaste noorlindude eristamistunnusteks peetakse tüürsulgede kattesulestiku mustrit ning labahoo- ja tüürsulgede värvust (Lontkowski & Maciorowski 2010). Kahe vanemliigi sulgede võrdlemisel on leitud, et suur-konnakotkaste tüürsulgedel puuduvad vöödid ning neljanda labahoosule kuju on paremini eristatav võrreldes väike-konnakotkastega (Cieślak & Dul: 69,71).

Bergmanni reeglit arvestades on võimalik eeldada, et väike-konnakotkad on rohkem lõunapoolsema eluviisiga ning seetõttu ka väiksemad suur-konnakotkastest, kes pesitsevad ja talvitavad rohkem põhja pool. Kuna hoosule pikkus näitab isendi tiivapikkust, mis on konnakotkastel seotud suhtelise suurusega (Lõhmus & Väli 2004), võib eeldada, et suur-

konnakotkaste suled on pikemad kui väike-konnakotkastel. Alleni reeglit arvestades on aga võimalik eeldada, et suur-konnakotkastel on vähem välja ulatuvad kehaosad, sest nad on levinud külmemas kliimas võrreldes väike-konnakotkastega. Arvestada tuleb ka sugulist dimorfismi ning liigisest varieeruvust, mistõttu mõne emase väike-konnakotka suled võivad olla sama pikad või pikemad kui isastel suur-konnakotkastel.

### **1.4.3 Mitteinvasiivsed meetodid morfoloogiauringutes**

Mitteinvasiivne meetod on proovide või andmete kogumisviis, mis ei too uuritavale isendile füüsilist kahju (Lefort et al 2019). Paljud mitteinvasiivsed meetodid, nagu näiteks sulgede korjamine pesast, ei nõua isegi isendi kinnipüüdmist ega käsitlemist (Zemanova 2020). Mitteinvasiivselt kogutud proovide (suled, karvad, väljaheited jms) abil on võimalik uurida ka neid ökoloogilisi ja demograafilisi probleeme, mida on kas keeruline või võimatu selgitada traditsiooniliste meetodite abil. Mitteinvasiivsete meetodite abil kogutud proovide kasutamine on osutunud eriti tähtsaks looduskaitstes, kuna see võimaldab kaardistada ohustatud või hävimisohus liikide isendeid ilma nende tabamise vajaduseta. Mitteinvasiivsed meetodid on olulised näiteks röövlindude asurkondade seires ja demograafia uurimisel, kuna röövlindude on raske tabada (Rudnick et al. 2005).

Mitteinvasiivsed meetodid võivad asendada ja täiendada traditsioonilistel vaatluspõhistel uuringutel saadud tulemusi. Näiteks annab värskelt sulgitud sule leidmine aimu teatud linnuliigi esinemisest piirkonnas. Edasine analüüs võimaldab kindlaks teha ka linnu vanuse ja mõnikord ka kohaloleku põhjuse – kas tegemist on noorlinnuga või täiskasvanud isendiga, kes lähipiirkonnas pesitseb. Rändavate liikide sulgede analüüs annab teavet rände fenoloogiast (sisse või väljaränne). Leitud suled on tihti abiks just haruldaste liikide kindlaks tegemisel (Cieślak & Dul 2006: 11).

Liikide määramiseks on võimalik kasutada näiteks lindude ja õhusõidukite kokkupõrkel leitud sulgi ja sulejäänuseid (Brom 1986). Liigi määramine seisneb sule makroskoopiliste tunnuste (mustri, kuju, tekstuuri, suuruse) või udusulgede mikroskoopiliste tunnuste võrdlemine muuseumide näidiskollektsioonidega (Dove 1997). Lisaks silmaga nähtavatele tunnustele võidakse kasutada ka näiteks UV kiirgust; suurem osa sulgedest (väljaarvatud tume mustad suled) peegeldavad UV kiirgust, mis muudab sule heledust (Hausmann et al. 2002; Eaton & Lanyon 2003).

Ehkki mitteinvasiivsed meetodid annavad väärtuslikku materjali eeskätt geneetilisteks analüüsideks, on ka traditsiooniliste meetodite kasutamisel oma eelised, sest need on sageli odavamad, kiiremini teostatavad ning ei vaja reeglina spetsiifilisi töövahendeid.

## 1.5 Geneetiliste meetodite kasutamine lähiliikide eristamisel

Võrreldes makroskoopiliste või mikroskoopiliste morfoloogiliste tunnuste võrdlusega, on liikide määramine geneetiliste (DNA tasemel erinevusi tuvastavate) meetoditega objektiivsem, ning nad võimaldavad ühtlasi määrata hübriide tõhusamalt kui varasemad meetodid (Randi & Lucchini 2002). Lisaks sellele võimaldab sobivate geneetiliste markerite (näiteks mikrosatelliitide) genotüpiseerimine eristada isendeid (Rudnick et al. 2007).

Veel 20-30 aastat tagasi vajas liikide geneetika uurimine suurtes kogustes materjali, tihti koguni erinevatest elunditest (Lewontin 1991). Teadusliku uuringu jaoks tuli loomad seetõttu tavaliselt hukata (Taberlet & Luikart 2008). Uuemad meetodid võimaldasid ka väikeste DNA-koguste analüüsi ning DNA proove hakati võtma väljaheidetest, langenud karvadest või sulgitud sulgedest ning (Taberlet & Luikart 2008) ning populaarsust kogus proovide mitteinvasiivne kogumine, mille käigus ei peaks loomi hukkama, ega isegi püüdma (Taberlet & Luikart 2008). Nüüdseks on mitteinvasiivselt kogutud proovide geneetilised analüüsid muutunud liikide määramisel tavapäraseks praktikaks ja hindamatuks abivahendiks (Pearce et al. 1997; Segelbacher 2002; Horvath et al. 2005).

Sulgedest eraldatud DNA põhjal on analüüsitud ka konnakotkaste liike ning asurkondasid. Kahel konnakotkaliigil leiti erinevused nii mitokondriaalse DNA järjestustes kui ka juhuslike DNA-lõikude võrdlemisel põhineva AFLP (ingl.: *Amplified fragment length polymorphism*) meetodiga (Helbig et al. 2005). Konnakotkad, kelle mitokondriaalne DNA sarnaneb teise konnakotkaliigi fenotüübiga, on tõenäoliselt hübriidid või hiljutised tagasiristandid, mis näitab, et kahe liigi vahel toimub geenisiire ja seetõttu hübriidiseerumise suurenemine (Helbig et al. 2005). Märksa tõhusamalt eristab liike ja hübriide mikrosatelliitse DNA markerite ning geenide intronites esinevate ühenukleotiidsete polümorfismide (ingl.: *Single nucleotide polymorphism; SNP*) kombineerimine (Väli et al. 2010b).

Mitokondriaalse DNA ja mikrosatelliitse DNA markerite abil on ka võrreldud erinevaid konnakotka asurkondasid, et uurida geneetiliselt erinevusi ja geenisiiret nende vahel (Väli et al. 2019; Helbig et al. 2005). Näiteks on leitud, et väike-konnakotka Balti asurkond ei ole geneetiliselt diferentseerunud ning pärineb ühisest jääaja-aegsest refuugiumist Balkani poolsaarel (Väli 2004). Suur-konnakotka Eesti asurkonna geneetiline mitmekesisus on ligi kolm korda suurem kui väike-konnakotkal - see võib tuleneda asurkonna erinevast ajaloost viimasel jääajal (kõrgem arvukus, suurem levila, erinevad refuugiumid) või tänapäevastest faktoritest (aktiivne geenisiire, arvukuse hiljutine langus) (Väli 2004). Mikrosatelliitide

analüüs on näidanud, et nelja riigi (Eesti, Poola, Valgevene ja Venemaa) suur-konnakotka asurkondade vahel on madal, kuid märkimisväärne geneetiline erinevus (Väli et al. 2019). Mitokondriaalse DNA järgi on geneetiline mitmekesisus suurim just Eesti asurkonnas (Väli et al. 2019).

## 2. MATERJAL JA METOODIKA

### 2.1 Sulgede morfoloogiline analüüs

Käesolevas töös kasutatud suur-konnakotka ja väike-konnakotka suled koguti Eesti Maaülikooli zooloogia osakonna sulekogusse aastatel 1999-2020. Suled aastatest 2011-2017 olid varasemalt uuritud autori bakalaaurusetöös (Rohtla 2018). Ülejäänud suled mõõdeti ja uuriti viimase aasta jooksul ning lisati eelnevalt uuritud sulgede üldtabelisse. Eesti väikese suur-konnakotkaasurkonna andmestikku täiendati sulgedega Valgevene ja Ukraina asurkondadest. Kokku analüüsiti 1042 sulge.

Kõigil sulgedel määrati kõigepealt sule tüüp – labahoosulg (ingl: *Primary feather*), küünrahoosulg (ingl: *Secondary feather*) või tüürsulg (ingl: *Tail feather*). Varasemas bakalaauruse töös kasuti konnakotka liikide eristamiseks ainult labahoosulgi (P1-P10), käesolevas töös kasutati lisaks labahoosulgedele ka küünrahoosulgi (S1-S6) ja tüürsulgi (T1-T6), et leida võimalike tunnuseid eristamiseks kaht konnakotka liiki ja nende hübriide. Iga labahoosule, -küünrahoosule - ja tüürsule puhul määrati esiteks tema asukoht tiival, seejärel mõõdeti ning kirjeldati uuritavatel sulgedel järgmised kvalitatiivsed (tunnused 1-4) ja kvantitatiivsed (5-8) tunnused:

- 1) *kuldne triip* (Lisa 1), mis esines P4-P10 sulgede tagapinnal sulerootsu kõrval;
- 2) *hõre ja hele äär* (Lisa 2), mis esines P1-P4 sulgedel, välimise sulelaba alumisel äärel;
- 3) *terav moodustis tipus* (edaspidi *terav tipp*) (Lisa 3), mis esines P1 sulgede tipus ja võis erineda enda kujult ja pikkuselt;
- 4) *sisemise sulelaba toon* (Lisa 4), mis esines P5-P10 sulgedel, sule rootsust sissepoole jääva sule osal;
- 5) *sule kogupikkus*, millest edasiseks analüüsimiseks arvutati iga suletüübi kaupa suhteline erinevus (%) asurkonna keskmisest;
- 6) *saki pikkus* (Lisa 4) keskmistel ja tipmistel labahoosulgedel (P5-P10). Välistamiseks sule pikkuse rolli saki pikkusele kontrolliti seose olemasolu sule kogupikkuse ja saki pikkuse vahel;
- 7) *siselabavöötide arv* (Lisa 5), mis loendati P1-P4, S1-S6 ja T1-T6 sulgedelt.



8) *P4 väljalõike pikkus* (Lisa 6), mis mõõdeti ainult P4 sulgedelt, kuna välimuselt ja pikkuselt erines see märkimisväärselt tunnusest *saki pikkus*, mistõttu ei võetud P4 sulgede väljalõiget kui tunnust *saki pikkus*, vaid kirjeldati eraldi seisva tunnusena. Lisaks kontrolliti seost väljalõike pikkuse ja sule kogupikkuse vahel.

Kvalitatiivsed tunnused olid kahe väärtusega (kas esines või ei esinenud) ning kvantitatiivsed tunnused olid kas pidevad (tunnused 5, 6 ja 8) või diskreetsed (tunnus 7).

## 2.2 Geneetiline analüüs

Geneetilise analüüsi abil määrati 409 sule liigiline kuuluvus. Neist 338 sulge oli määratud varem Ü. Väli poolt, 71 sulge määrati käesoleva töö käigus.

DNA eraldati vererakkudest, mis sule kasvamisel säilivad sulerootsu keskosas (Horvath et al. 2005). Suletükk lahustati 180 mikrolitris puhverlahuses, kuhu oli lisatud valkude lagundamiseks 25 mikrolitrit proteinaas K lahust ning spetsiifiliselt keratiini tõhusamaks lagundamiseks 0,1 M kontsentratsiooniga 25 mikrolitrit ditiotreitolit (DTT). DNA eraldati kolonn-põhimõttel vastava reagentide komplekti abil (*NucleoSpin Tissue Kit, Macherey-Nagel*). Eraldatud DNA kontsentratsioon mõõdeti ja vajadusel lahjendati, edasistes analüüsides kasutati DNA-lahust kontsentratsiooniga 10 ng/µl.

DNA-proovid genotüüpiseeriti 29 erineva markeri abil – 24 mikrosatelliiti ja 5 SNP markerit (Lisa 7) järgides varemkirjeldatud metoodikat (Väli et al. 2010b). Proovid lisati PCR masinasse, kus läbiti 35 kuumutus- ja jahutustsüklit, mis koosnes DNA-ahelate lahutamisest 95°C juures (20 sekundit), ahelate seondumisest 52°C peal (20 sekundit) ning DNA-sünteesist 72°C juures (30 sekundit). Mikrosatelliitsed markerid genotüüpiseeriti Tartu Ülikooli genoomikainstituudi tuumiklaboris ning analüüsiti seejärel programmis *Peak Scanner*. SNP markeritele lisati 1 mikroliter vastava markeri restriksioonlahust ning inkubeeriti 37°C juures üleöö PCR masinas. SNP markerite genotüübid määrati elektroforeesil 2% agarosgeelil. Genotüüpide edasine analüüs liigi määramiseks viidi läbi programmide *NewHybrids* (Anderson & Thompson 2002) ja *Structure* (Pritchard et al. 2000) abil.

Programm *NewHybrids* eristab nii ristuvaid liike kui ka erineva taseme hübriide eraldi rühmadena. Nendeks rühmadeks olid: 1) suur-konnakotkas; 2) väike-konnakotkas; 3) F1-hübriid; 4) suur-konnakotkas x F1 (2. põlvkonna hübriid – tagasiristand suur-konnakotkaga, edaspidi SKKxF1); 5) väike-konnakotkas x F1 (2. põlvkonna hübriid –tagasiristand väike-

konnakotkaga, edaspidi VKKxF1). Igale sulele arvutati välja igasse rühma kuulumise tõenäosus, madalaimaks rühma kuulumise kriteeriumiks oli 0,75. Simulatsioon viidi läbi 100 000 iteratsioonina (*sweeps*), jättes eelnevalt välja 20 000 esimest iteratsiooni (*burn in sweeps*).

Programm *Structure* on algselt mõeldud asurkondade geneetilise struktuuri analüüsiks. Käesoleva töö raames eristati kaks rühma (programmi mõistes asurkonda): 1) suur-konnakotkas; 2) väike-konnakotkas. Minimaalne tõenäosus nendesse rühmadesse kuulumiseks oli 0,75. F1-hübriididel olid tõenäosused jagunenud kahe rühma vahel (kummasegi liiki kuulumise tõenäosus teoreetiliselt 0,5), F1 rühma kuulumise kriteeriumideks oli 0,4–0,6. Tagasiristanditel oli kriteeriumideks 0,6–0,75.

Kahe programmi tulemusi kõrvutades tehti lõplik määrang, mis rühma vastav proov kuulub (kas suur-konnakotkas, väike-konnakotkas, F1-hübriid või tagasiristand). Geneetiliselt analüüsitud sulgedest 38 kuulusid F1-hübriididele, 118 suur-konnakotkastele, 238 väike-konnakotkastele, 15 tagasiristanditele. 631 morfoloogiliselt analüüsitud sulel liiki geneetilise analüüsiga ei määratud (Tabel 1).

**Tabel 1.** Iga liigi sulgede arv suletüübi kohta

<b>Suletüüp</b>	<b>Suur-konnakotkas</b>	<b>Suur x F1</b>	<b>F1-hübriid</b>	<b>Väike x F1</b>	<b>Väike-konnakotkas</b>	<b>Liik määramata</b>
P1	3	0	3	0	20	37
P2	2	1	0	0	5	15
P3	12	0	3	1	12	42
P4	7	0	3	0	8	43
P5	1	0	0	0	8	19
P6	4	0	5	0	4	22
P7	7	1	2	0	12	24
P8	10	1	1	1	18	65
P9	1	0	4	0	19	28
P10	1	0	1	0	11	13
S1	25	3	3	2	23	59
S2	9	1	1	0	10	42
S3	7	0	2	0	4	19
S4	2	0	2	0	6	13
S5	0	2	3	0	4	18
S6	3	1	2	1	21	36
T1	4	1	0	0	13	18
T2	4	1	2	0	3	24
T3	3	0	0	0	4	17
T4	1	0	0	0	3	12
T5	4	0	1	0	10	25
T6	8	0	0	0	20	40

## 2.3 Andmeanalüüs

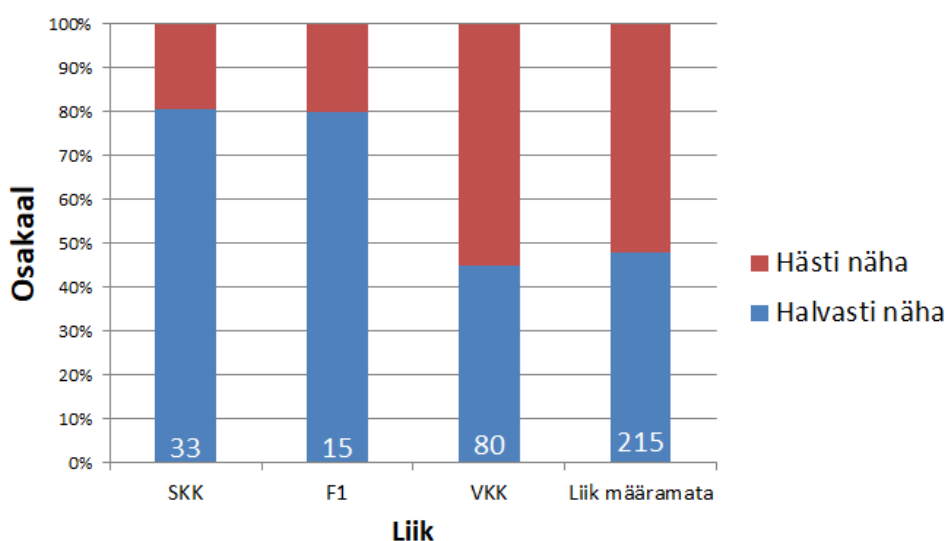
Esialgu uuriti kõiki suletüüpe (labahoosuled, küünrahoosuled ja tüürsuled) eraldi, püüdes leida sobivaid tunnuseid eristamiseks kahte konnakotkaliiki ja nendevahelisi hübriide erinevate suletüüpide põhjal. Uuritavate rühmade (suur- ja väike-konnakotkas, nendevahelised hübriidid) vaheliste erinevuste olulisuse testimiseks kasutati pidevate (*sule suhteline pikkuse erinevus, saki pikkus, P4 väljalõike pikkus*) ja diskreetsete (*siselabavöötide arv*) tunnuste puhul dispersioonanalüüsi (ANOVA), konkreetsete rühmade omavahelisel võrdlemisel Tukey testi. Sule pikkuse ja saki pikkuse ning P4 väljalõike ja sule pikkuse vahelise seose olemasolu kontrolliti korrelatsioonanalüüsiga. Kvalitatiivsete nominaaltunnuste (*kuldne triip, hõre/hele ääre ja terava tipu olemasolu, mõlema olemasolu, sisemise sulelaba toon*) esinemise sageduste erinevusi analüüsiti hii-ruut testi abil.

Liikide eristamiseks parima tunnuste kombinatsiooni leidmiseks kasutati multinominaalset regressioonanalüüsi. Sõltuvaks tunnuseks oli sule liigiline kuuluvus (suur-konnakotkas, väike-konnakotkas või F1-hübriid; tagasiristandeid väikese valimi tõttu ei kaasatud), sõltumatuteks tunnusteks uuritavad suletunnused. Vastavalt tunnuste olemasolule jaotati suled esmalt kuueks erinevaks sulerühmaks: 1) P1 (Lisa 8); 2) P2-P3 (Lisa 9); 3) P4 (Lisa 10); 4) P5-P10 (Lisa 11); 5) S1-S6 (Lisa 12); 6) T1-T6 (Lisa 13). Rühmad P1 ja P4 olid üksikud sulerühmad kuna mõlemal esinevad tunnused, mis olid omased ainult nendele spetsiifilistele suletüüpidele (*terav tipp* P1-l ja *P4 väljalõike pikkus* P4-l). Seejärel koostati iga rühma kaupa regressioonimudelid, mis kaasasid vastava rühma tunnuseid kõigis kombinatsioonides. Mudelite võrdlemisel kasutati Akaike informatsioonikriteeriumi (AIC; *Akaike information criterion*) väärtust: kõige väiksema AIC väärtusega oli liikide eristamiseks optimaalseim mudel. Lisaks iga sulerühma primale mudelile toodi välja ka kuni kahe ühiku võrra suurema AIC-väärtusega mudelid.

Tulemusi illustreerivad joonised koostati programmide R (dispersioonanalüüsi karpdiagrammid, korrelatsioon) ning MS Excel (tulpdigrammid) abil.

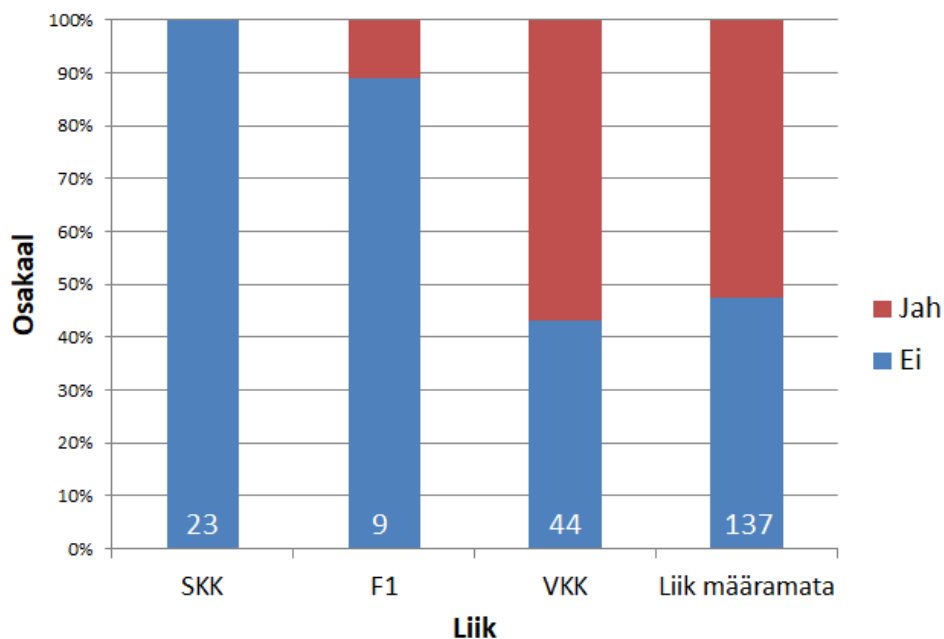
### 3. TULEMUSED

Tunnus *kuldne triip* esines ligi pooltel uuritud väike-konnakotkasulgedel, kuid ainult 20% suur-konnakotkaste ja F1-hübriidide sulgedel (Joonis 1). Geneetiliselt analüüsimate sulgedel sarnanes tunnuse esinemissagedus väike-konnakotka omaga (Joonis 1). Tagasiristanditel analüüsiti kolme sulge (kaks SKKxF1 ja üks VKKxF1) ning tunnus esines ainult kahel *SKKxF1* sulgel, mistõttu graafikule ei lisatud antud rühma. Statistiliselt olulist erinevust rühmade vahel ei leitud ( $\chi^2_2 = 4,4$ ;  $P = 0,11$ ).



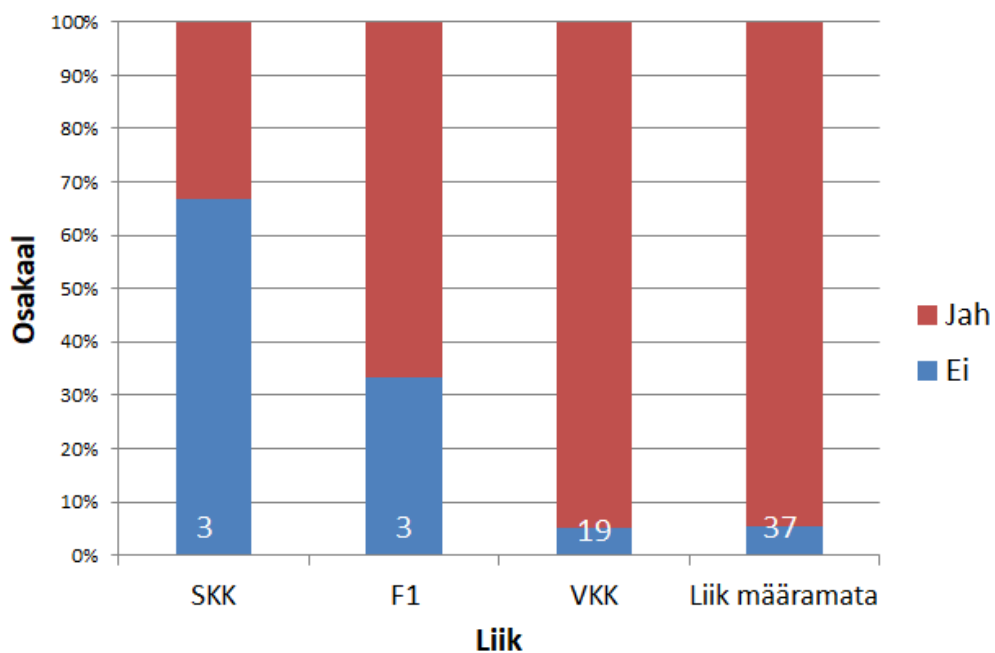
**Joonis 1.** Kuldse triibu nähtavus kahe konnakotkaliigi ja nende hübriidide sulgedel. „Liik määramata“ tähistab sulgi, mille liigiline kuuluvus pole geneetilise analüüsiga määratud ning lühendid tähistavad: SKK = suur-konnakotkas; F1 = hübriid; VKK = väike-konnakotkas. Siin ja järgnevatel joonistel on tulpade sees esitatud iga rühma uuritud sulgede arv.

Tunnus *hõre ja hele äär* ei esinenud ühelgi suur-konnakotkasulgel, kuid samas esines üle pooltel väike-konnakotkasulgedel ja geneetiliselt määramata sulgedel (Joonis 2). F1-hübriididel esines tunnus vaid üksikutel sulgedel (Joonis 2). Tagasiristanditel oli ainult kaks sulge (üks SKKxF1 ja üks VKKxF1) ning tunnus esines mõlemal sulgel. Erinevus rühmade vahel jäi siiski määratud statistilise olulisuse piirist napilt välja ( $\chi^2_2 = 5,0$ ;  $P = 0,08$ ).



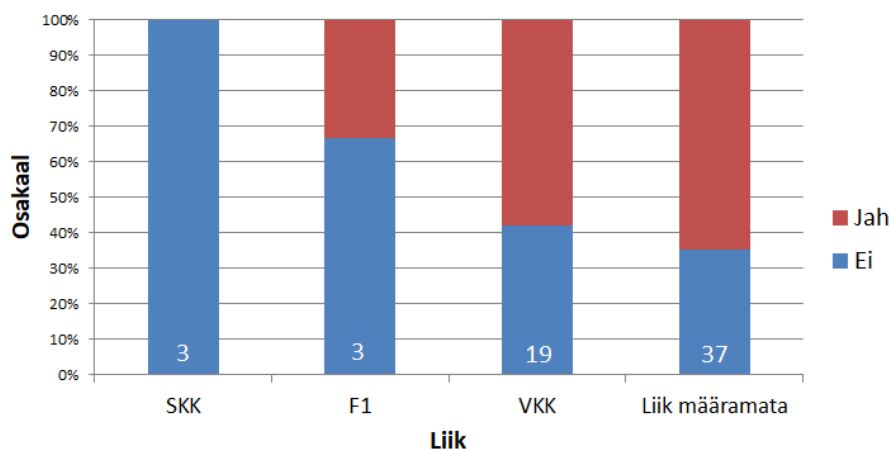
**Joonis 2.** Hõreda ja heleda ääre esinemine kahe konnakotka liigi ja nende hübriidide sulgedel.

Tunnus *terav tipp* domineeris nii väike-konnakotkastel kui ka määramata sulgedel (Joonis 3). Suur-konnakotkastel ja F1-hübriididel tunnus esines, kuid sulgi oli ainult mõlemal rühmal ainult kolm (Joonis 3). Tagasiristanditel polnud ühtegi sulge, mida analüüsida antud tunnuse puhul. Olulisust polnud võimalik testida, sest andmeid polnud selle jaoks piisavalt.



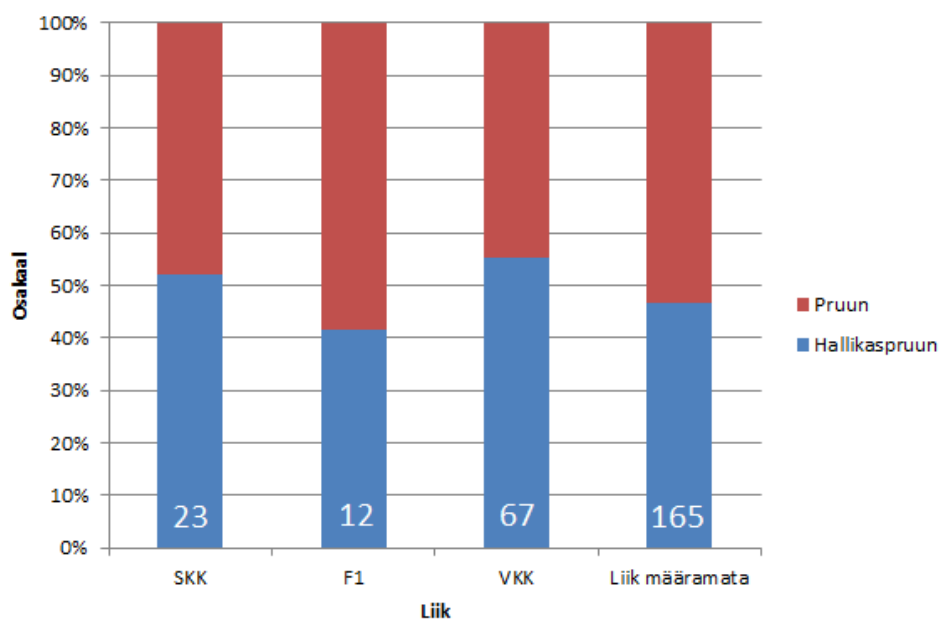
**Joonis 3.** Terava tipu esinemine kahe konnakotka liigi ja nende hübriidide sulgedel.

Kahe tunnuse (*hõre ja hele äär ning terav tipp*) koos esinemine oli nähtavam väike-konnakotkaste ja määramata sulgedel (Joonis 4). Suur-konnakotkastel ei esinenud neid kahte tunnust korraga ning F1-hübriididel esines ühel sulel (Joonis 4). Kuna andmeid polnud piisavalt, ei saanud rühmade erinevuse olulisust testida.



**Joonis 4.** Hõre ja heleda ääre ning terava tipu esinemine kahe konnakotka liigi ja nende hübriidide sulgedel

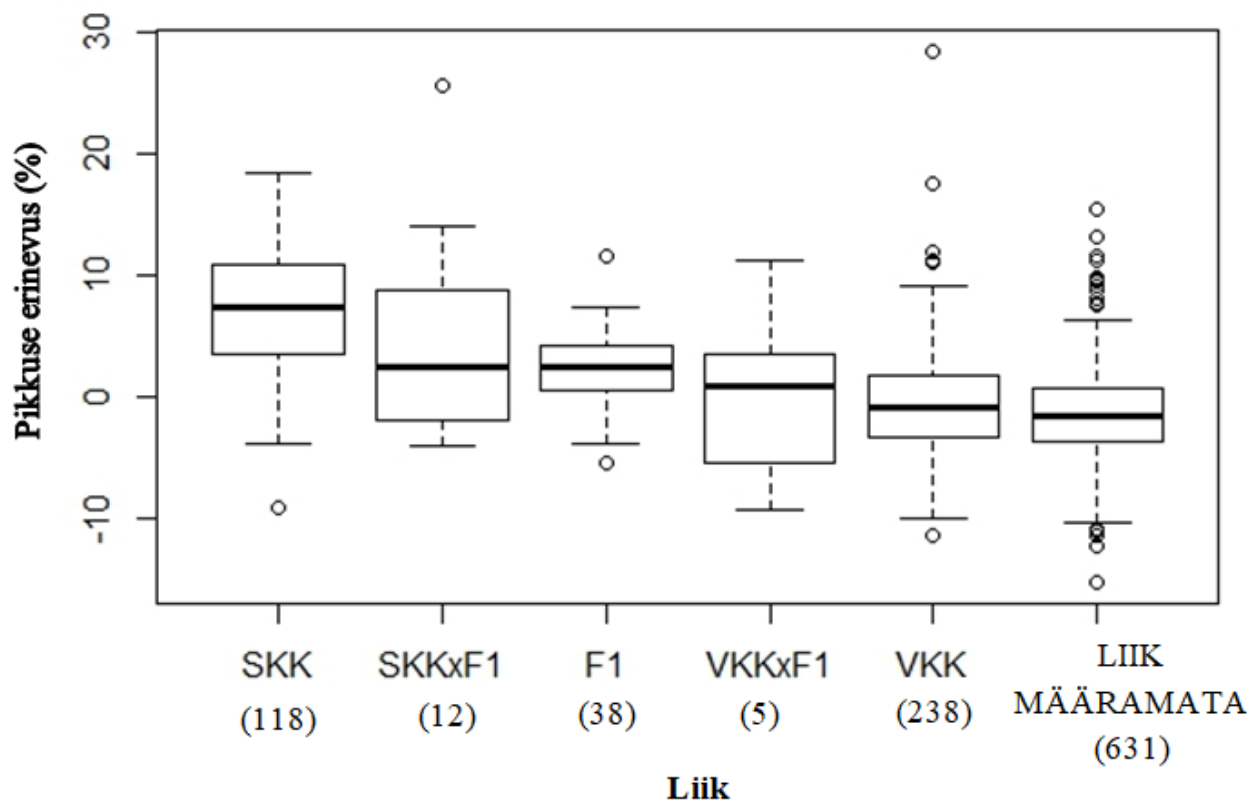
Tunnus *sisemise sulelaba toon* oli rühmade vahel suhteliselt võrdselt ära jaotunud (Joonis 5) ning üldist domineerimist ei leitud ( $\chi^2_2 = 0,8$ ;  $P = 0,68$ ). Tagasiristanditel oli analüüsiks ainult kaks sulge (üks SKKxF1 ja üks VKKxF1) ning mõlemal oli pruunjas toon.



**Joonis 5.** Sisemise sulelaba toon kahe konnakotka liigi ja nende hübriidide sulgedel.

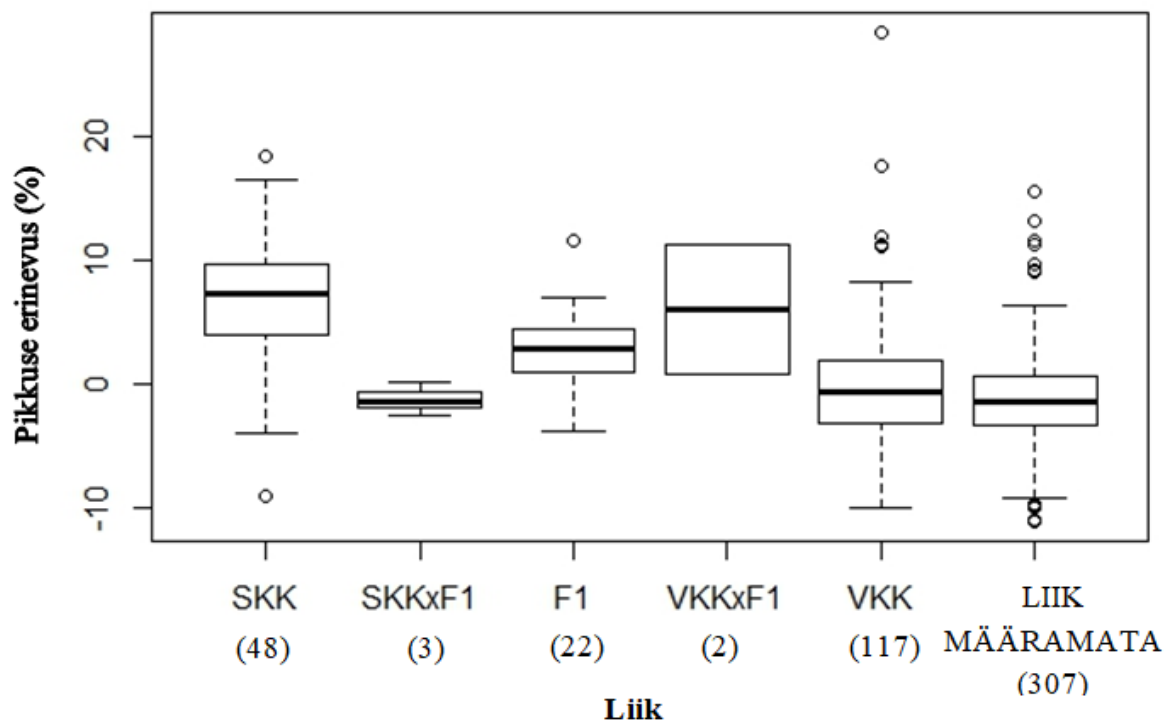
Sule suhteline pikkus erines rühmade vahel oluliselt ( $F_{5, 1032} = 85,3$  ;  $P < 0,001$ ; Joonis 6). Suur-konnakotka suled olid märgatavamalt pikemad kui väike-konnakotka suled ( $P < 0,001$ ). Väike-konnakotkaste suhteline pikkus oli võrdne mediaaniga (0%), kuna suurem osa sulgi pärines just väike-konnakotkastelt. Oli ka sulgi, mis sarnanesid pikkuselt suur-konnakotka tasemele, aga valdav enamus sulgi olid kuni 3% lühemad või pikemad kui keskmine antud suletüübi pikkus. Üksikud suled olid märgatavalt lühemad võrreldes keskmiste pikkustega, jäädes ligi 10% lühemaks kui keskmine sule pikkus (Joonis 6). Suur-konnakotka suled olid keskmiselt 8% (kvartiilid 4-11%) pikemad kõigi sulgede keskmisest, mõned suled olid ligi 20% pikemad. Samas esines ka sulgi, mis olid pikkuselt võrdsed nii hübriidide kui ka väike-konnakotkaste sulgedega (Joonis 6). Hübriidide (F1) sulgede pikkus jäi kahe liigi vahele (enamik sulgedest olid kuni 4% pikemad kui keskmised sule pikkused), kuid üksikud suled olid keskmisest lühemad (Joonis 6). Nii väike-konnakotkaste ( $P=0,002$ ) kui ka suur-konnakotkaste ( $P < 0,001$ ) sulgede pikkused erinesid oluliselt F1-hübriididest. Tagasiristunud isendite (SKKxF1 ja VKKxF1) suled jäid pikkuselt F1-hübriidide ning väike -ja suurkonnakotkaste vahele. SKKxF1 suled olid keskmiselt sama pikad kui F1-hübriidide omad, kuid kvartiilid ulatusid suur-konnakotka pikkuse tasemele (Joonis 6). VKKxF1 suled olid keskmise poolest mediaanist suuremad, kuid sarnanesid rohkem väike-konnakotkastele kui F1-hübriididele (Joonis 6). Suled, mis polnud geneetiliselt määratud, sarnanesid pikkuse poolest väike-konnakotka sulgedele (Joonis 6).





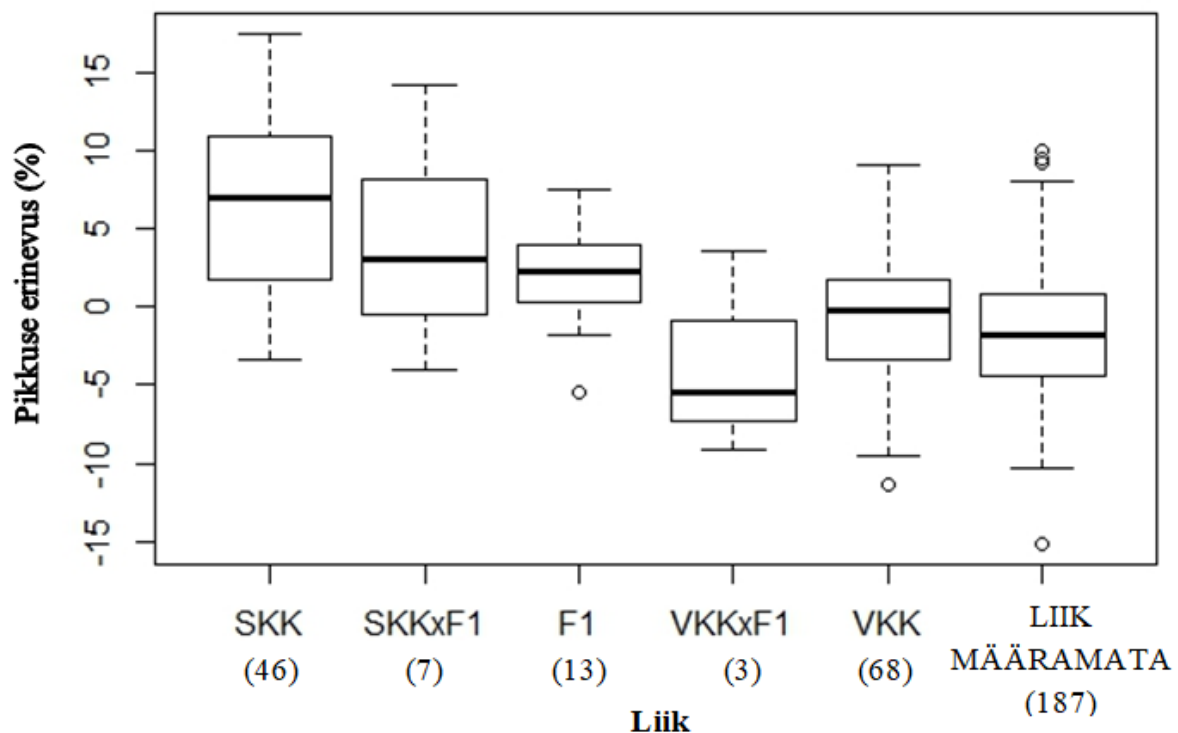
**Joonis 6.** Sulgede suhteline pikkus uuritud rühmades. Jäme joon tähistab mediaani, karp kvartiile, mille vahele jääb pool valimi väärtustest ja vurrud miinimum- ja maksimumväärtusi. Iga rühma nimetuse juures on esitatud uuritud sulgede arv. Siin ja järgnevatel joonistel tähistavad lühendid: SKK = suur-konnakotkas; SKKxF1= 2. põlvkonna hübriid – tagasiristand suur-konnakotkaga; F1 = hübriid; VKKxF1= 2. põlvkonna hübriid – tagasiristand väike-konnakotkaga; VKK = väike-konnakotkas

Labahoosulgede suhteline pikkus erines oluliselt ( $F_{5, 489} = 33,8$  ;  $P < 0,001$ ). Suur-konnakotka labahoosuled olid valdavalt kõige pikemad, väike-konnakotkad kõige lühemad ja F1-hübriidid vastavalt kahe emaliigi vahepealsed (Joonis 7). Väike-konnakotkaste ja suur-konnakotkaste vahel esines oluline erinevus ( $P < 0,001$ ). F1-hübriidid erinesid oluliselt nii väike-konnakotkastest ( $P=0,01$ ) kui suur-konnakotkastest ( $P=0,002$ ). *SKKxF1* rühma labahoosuled olid keskmiselt sama pikkusega kui väike-konnakotka omad ning sarnaselt ka määramata suled, mis esines varasematel tunnustel samuti. Esines erandeid nagu näiteks väike-konnakotka ja geneetiliselt määramata sulgede rühmas, kus üksikud suled sarnanesid keskmise pikkuse poolest suur-konnakotkastega (Joonis 7). Samuti *VKK/F1* rühma kaks sulge olid pikkuselt pigem suur-konnakotka tasemel.



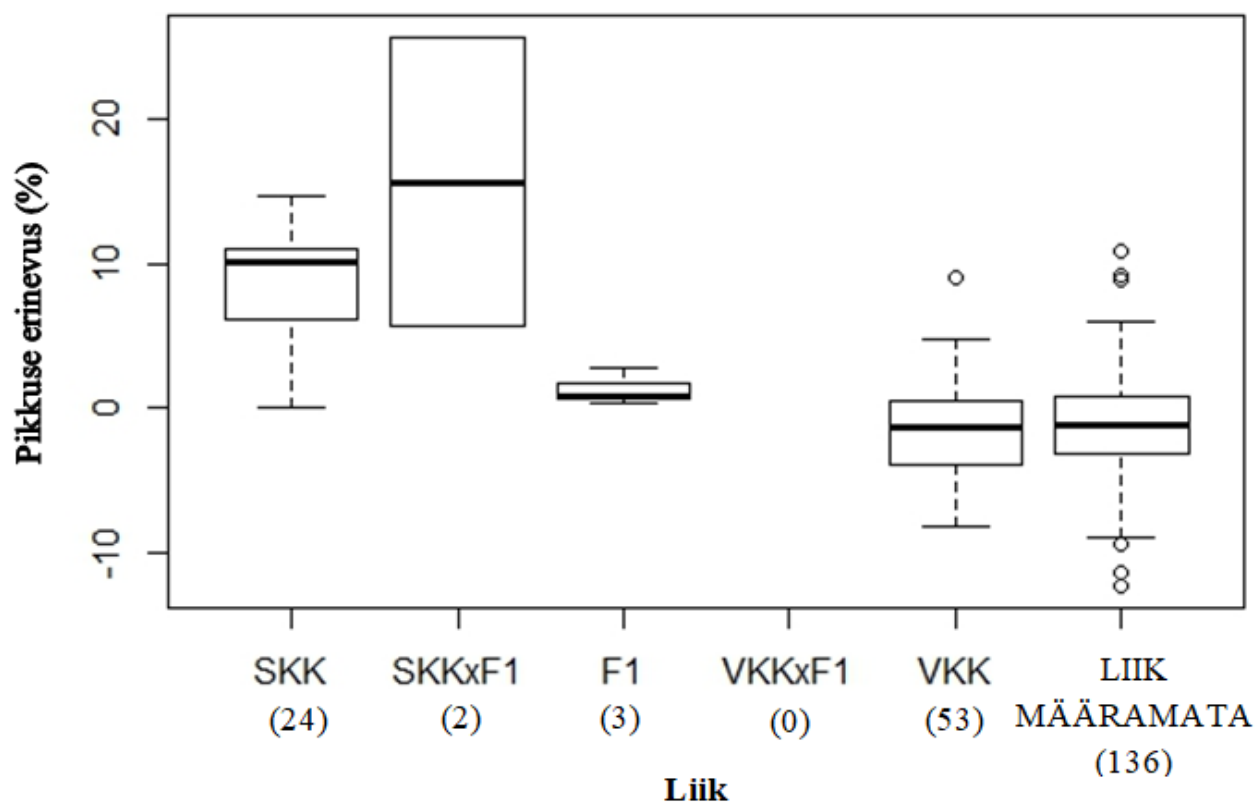
**Joonis 7.** Labahoosulgede (P1-P10) suhteline pikkus uuritud rühmades. Jäme joon tähistab mediaani, karp kvartiile, mille vahele jääb pool valimi väärtustest ja vurrud miinimum- ja maksimumväärtusi. Iga rühma nimetuse juures on esitatud uuritud sulgede arv.

Küünrahoosulgede puhul oli suhtelise pikkuse kattuvus rühmade vahel suurem, kuna küünrahoosulgede alamtüübid (S1-S6) on väiksema pikkuse erinevusega kui labahoosuled. Siiski olid kõige pikemateks sulgedeks suur-konnakotka küünrahoosuled ning kõige lühemad väike-konnakotka ja määramata küünrahoosuled, jäädes keskmiselt -3% ja 3% vahemiku (Joonis 8). Suur-konnakotkaste ja väike-konnakotkaste vahel oli oluline erinevus ( $P < 0,001$ ). *VKKxF1* rühma küünrahoosuled olid keskmiselt isegi lühemad kui väike-konnakotka omad, kuid antud rühmas oli sulgede arv samuti märkimisväärselt madalam, mille tõttu oli usaldusväärsem antud tunnuse juures väike-konnakotka rühm. F1-hübriidid olid vahepealse pikkusega küünrahoosulgedega, jäädes keskmiselt alla suur-konnakotkastele, kuid olles pikemad väike-konnakotka sulgedest. F1-hübriidid erinesid oluliselt suur-konnakotkastest ( $P=0,02$ ), kuid mitte väike-konnakotkastest ( $P=0,25$ ). Ligi pool *SKKxF1* rühma küünrahoosulgi oli suhtelise pikkuse erinevuse poolest sarnased suur-konnakotka küünrahoosulgedega, kuid mediaani poolest sarnases rohkem F1-hübriididega. Küünrahoosulgede puhul leiti oluline erinevus ( $F_{5,318} = 27,4$  ;  $P < 0,001$ ). (Joonis 8)



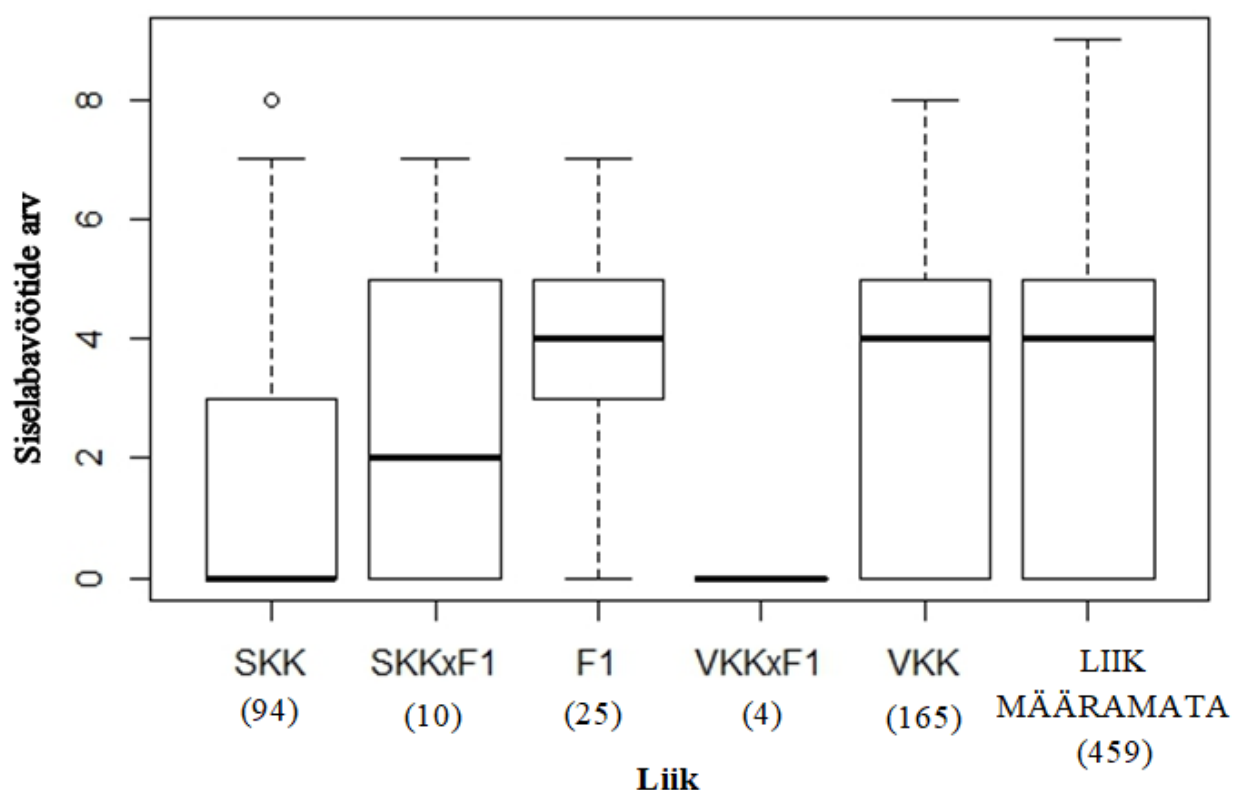
**Joonis 8.** Küünrahoosulgede (S1-S6) suhteline pikkus uuritud rühmades. Jäme joon tähistab mediaani, karp kvartiile, mille vahele jääb pool valimi väärtustest ja vurrud miinimum- ja maksimumväärtusi. Iga rühma nimetuse juures on esitatud uuritud sulgede arv.

Tüürsulgede suhteline pikkus erines oluliselt ( $F_{4, 213} = 50,7$  ;  $P < 0,001$ ). Sarnaselt labahoo-ja küünrahoosulgedega, oli tüürsulgedel kõige pikemad suled suur-konnakotkastelt. Väike-konnakotka ning määramata tüürsulgede suhteline pikkus oli märgatavamalt väiksem kui suur-konnakotka omadel. Esines erandeid, nagu näiteks üksikud tagasiristunud (SKKxF1) isendite tüürsuled, mis ületasid suhtelise pikkuse poolest isegi suur-konnakotkaid. F1-hübriidid olid kahe põhiliigi vahepealsed ning erinesid oluliselt suur-konnakotkastest ( $P=0,008$ ), aga mitte väike-konnakotkastest ( $P=0,71$ ). Suur-konnakotkaste ja väike-konnakotkaste vahel oluline erinevus ( $P < 0,001$ ). (Joonis 9)



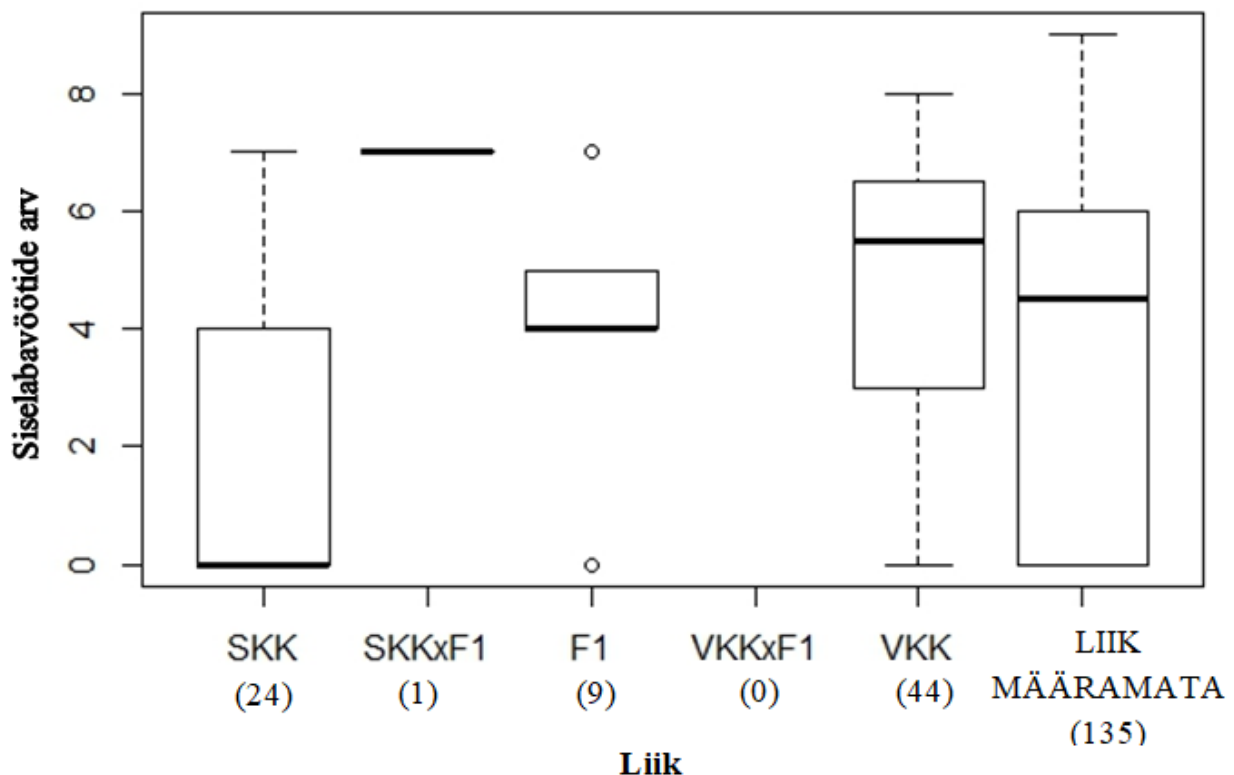
**Joonis 9.** Tüürsulgede (T1-T6) suhteline pikkus uuritud rühmades. Jäme joon tähistab mediaani, karp kvartiile, mille vahele jääb pool valimi väärtustest ja vurrud miinimum- ja maksimumväärtusi. Iga rühma nimetuse juures on esitatud uuritud sulgede arv.

Sulgede vöödilisuses leiti oluline erinevus uuritud rühmade vahel ( $F_{5, 751} = 9,1; P < 0,001$ ) (Joonis 10). Suur-konnakotkad olid kõige väiksema vöötide arvuga rühm (kvartiilid 0-3), kuid esines ka sulgi, mis olid märgatavalt vöödilisemad. Väike-konnakotkastel oli tunnus laialdaselt esinev – oli sulgi millel polnud üldse vööte, aga osa sulgi küündisid vöötide maksimumarvuni (8). Keskmiselt esines väike-konnakotkastel neli vööti ja suur-konnakotkastel vöödid puudusid, mistõttu esines oluline erinevus ( $P < 0,001$ ) (Joonis 10). F1-hübriidid oli valdavalt kõige vöödilisemad (kvartiilid 3-5), kuna enamus sulgedel esines üle kolme vöödi, mida teistel rühmadel ei esinenud. F1-hübriidid erinesid oluliselt suur-konnakotkastega ( $P < 0,001$ ), kuid mitte väike-konnakotkastega ( $P=0,89$ ). *SKKxF1* rühm oli vöötide poolest samuti laialdase esinevusega – keskmiselt oli vöötide arvuks kaks (kvartiilid 0-5), kuid esines ka sulgi, millel oli kuni seitse vööti. *VKKxF1* rühma sulgedel polnud ühtegi vööti (Joonis 10). Nagu ka eelneval tunnusel, oli rühmal *Liik määramata* sarnased tulemused väike-konnakotkaste omadega.



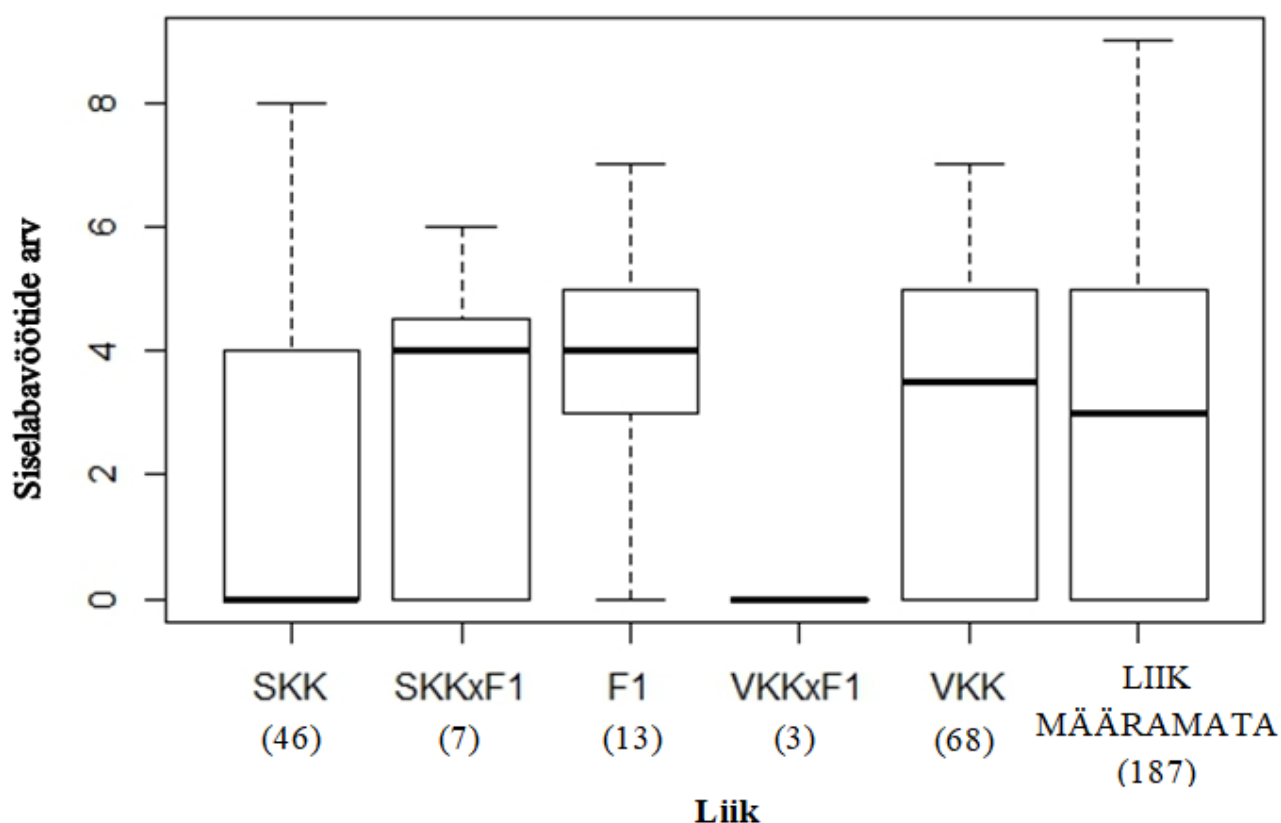
**Joonis 10.** Siselabavöötide arv kahe konnakotka liigi ja nende hübriidide sulgedel. Jäme joon tähistab mediaani, karp kvartiile, mille vahele jääb pool valimi väärtustest ja vurrud miinimum- ja maksimumväärtusi. Iga rühma nimetuse juures on esitatud uuritud sulgede arv.

Suur-konnakotkastel oli keskmiselt vöote kõige vähem (kvartiilid 0-4) ning väike-konnakotkastel keskmiselt kõige rohkem (kvartiilid 3-7) (Joonis 11). F1-hübriidid olid valdavalt vahepealsete tulemustega ning ei erinenud oluliselt nii väike-konnakotkastest ( $P=0,97$ ) kui ka suur-konnakotkastest ( $P=0,19$ ). Määramata sulgedel oli vöotide esinemine üpris laialdane – oli sulgi, mis jäid nii suur kui ka väike-konnakotka tasemele ning sulgi, millel oli kuni 9 vöoti (Joonis 11). Labahoosulgedel leiti sulgede vöödilisuses oluline erinevus ( $F_{5, 208} = 4,9$  ;  $P < 0,001$  ), kuna väike-konnakotkaste ja suur-konnakotkaste vahel oli sarnaselt oluline erinevus ( $P < 0,001$  ).



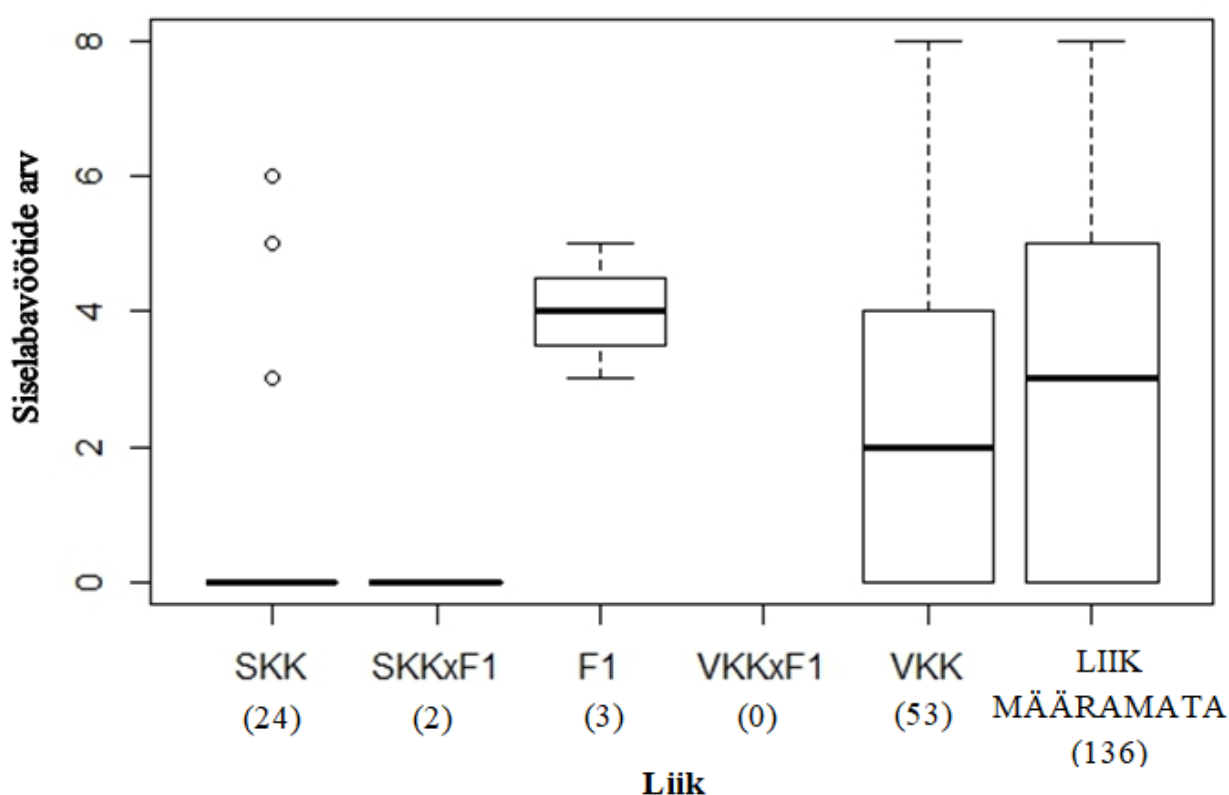
**Joonis 11.** Siselabavöötide arv kahe konnakotka liigi ja nende hübriidide labahoosulgedel. Jäme joon tähistab mediaani, karp kvartiile, mille vahele jääb pool valimi väärtustest ja vurrud miinimum- ja maksimumväärtusi. Iga rühma nimetuse juures on esitatud uuritud sulgede arv.

Küünrahoosulgedel oli keskmiselt kõige suurem vöötide arvuga väike-konnakotkad ja F1-hübriidid. Samas paljud küünrahoosuled olid sama vöödilised kui suur-konnakotkad (või vöödid puudusid üldse) (Joonis 12). Olulist erinevust väike-konnakotkaste ja F1-hübriidide vahel ei esinenud ( $P=0,96$ ). Suur-konnakotkaste ja F1-hübriidide erinevus oli napilt mitte oluline ( $P=0,08$ ). Nagu ka labahoosulgedel, olid suur-konnakotka küünrahoosulged kõige vähem vöödilised (kvartiilid 0-4) ning tagasiristandite (SKKxF1) suled olid valdavalt sama vöödilised kui suur-konnakotka omad, kuigi keskmiselt sarnanesid rohkem hübriididega. Määramata küünrahoosuled sarnanesid tulemuse poolest väike-konnakotkastele, kuid oli ka sulgi, mis olid palju vöödilisemad kui enamus küünrahoosulgi. Erinevus oli napilt oluline nii suur-konnakotkaste ja väike-konnakotkaste vahel ( $P=0,02$ ) kui ka kõikide rühmade vahelises erinevuses ( $F_{5,318} = 3,1$  ;  $P = 0,01$ ) (Joonis 12).



**Joonis 12.** Siselabavöötide arv kahe konnakotka liigi ja nende hübriidide küünrahoosulgedel. Jäme joon tähistab mediaani, karp kvartiile, mille vahele jääb pool valimi väärtustest ja vurrud miinimum- ja maksimumväärtusi. Iga rühma nimetuse juures on esitatud uuritud sulgede arv.

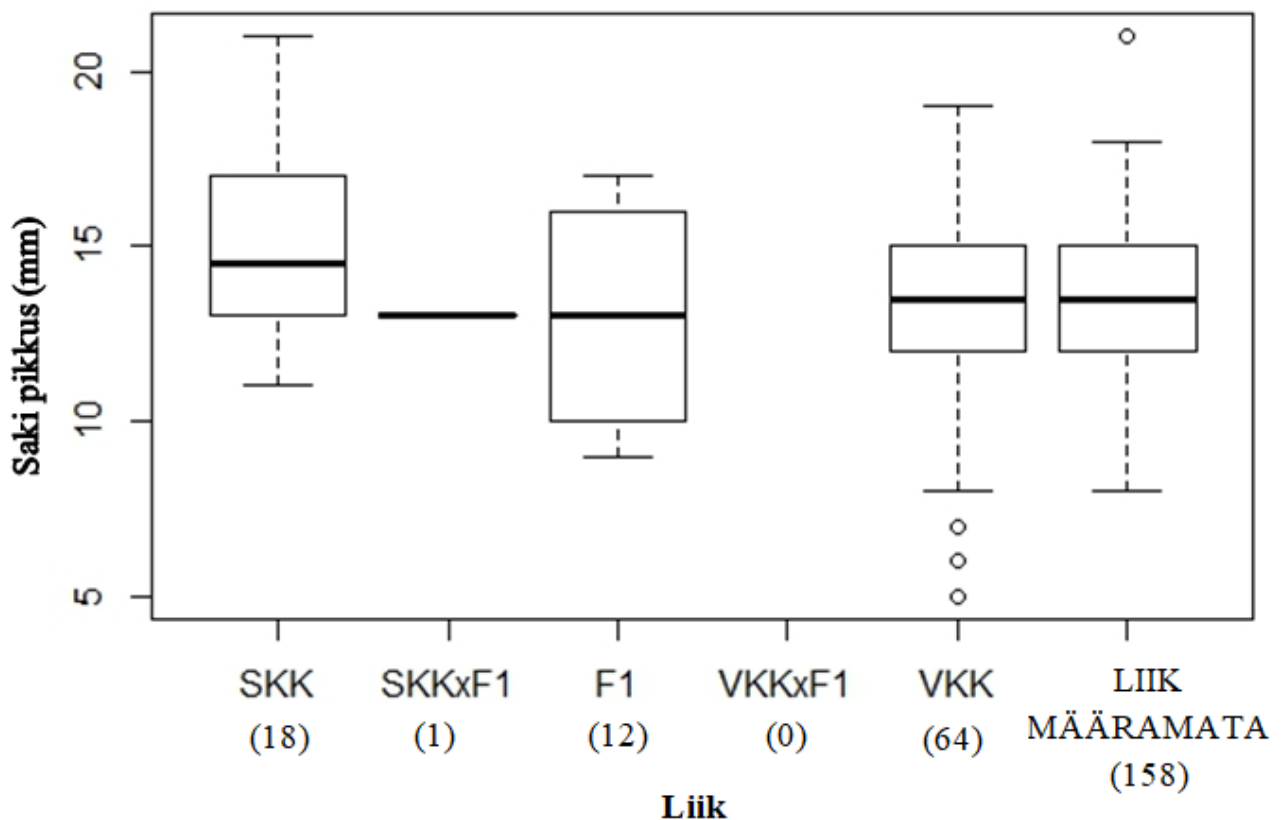
Tüürsulgede puhul olid kõige väiksema vöötide arvuga jällegi suur-konnakotkad (enamustel puudusid vöödid) (Joonis 13). Suur-konnakotkaste ja väike-konnakotkaste vahel olulist erinevust polnud ( $P=0,1$ ). F1-hübriidid näitasid keskmiselt kõige suuremat vöödilisust, kuid sulgi oli ainult kolm ning ei omanud olulist erinevust nii suur-konnakotkastega ( $P=0,16$ ) kui väike-konnakotkastega ( $P=0,67$ ). Nii väike-konnakotka kui ka määramata tüürsuled olid enamasti keskmiselt sarnase vöötide arvuga (kvartiilid 0-5), kuid mõlemal rühmal oli sulgi, mis ulatusid kuni kaheksa vöödini. Oluline erinevus leiti tüürsulgedel ( $F_{4, 213} = 4,6$  ;  $P = 0,001$ ), kuna suur-konnakotkaste ja määramata sulgede vahel oli samuti oluline erinevus ( $P=0,001$ ). (Joonis 13)



**Joonis 13.** Siselabavöötide arv kahe konnakotka liigi ja nende hübriidide tüürsulgedel. Jäme joon tähistab mediaani, karp kvartiile, mille vahele jääb pool valimi väärtustest ja vurrud miinimum- ja maksimumväärtusi. Iga rühma nimetuse juures on esitatud uuritud sulgede arv.

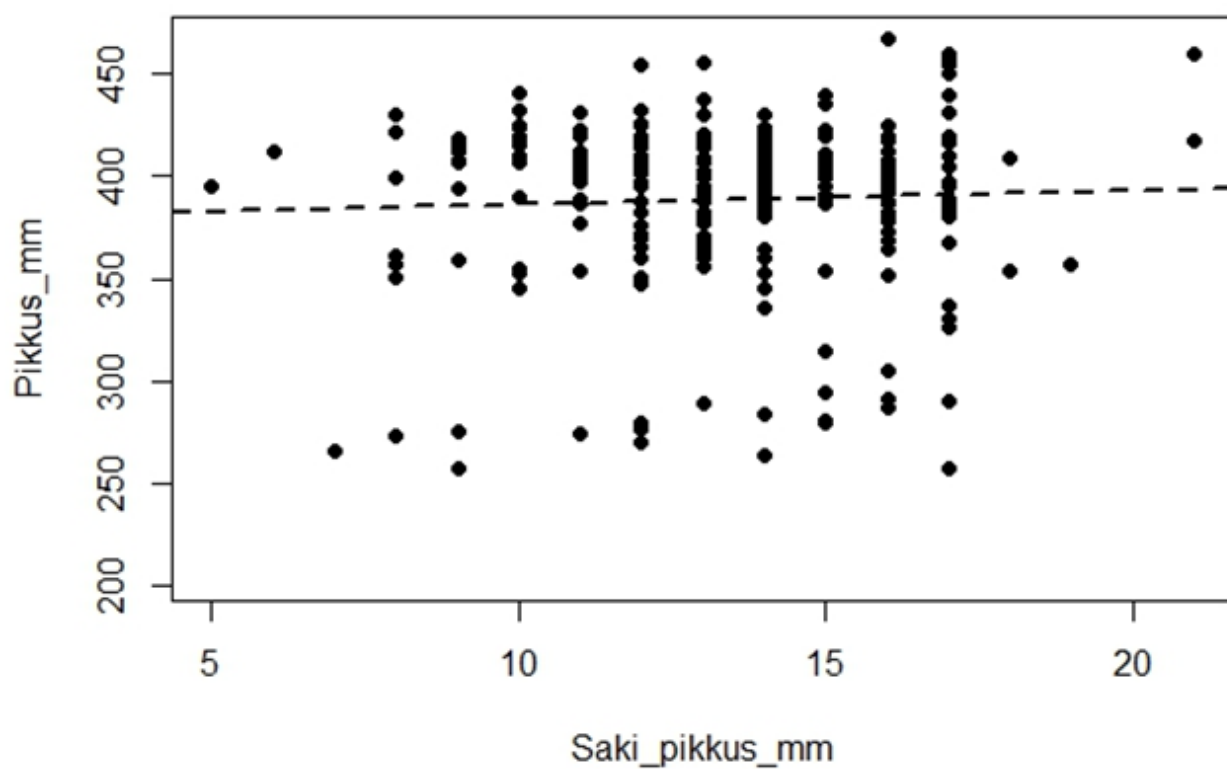


Suur-konnakotkaste sulgedel olid valdavalt kõige pikemad sakid (kvartiilid 13-17 mm), kuigi esines ka sulgi, mille sakid olid üle 20 mm ja alla 13 mm pikad. Väike-konnakotkastel olid sakid pisut lühemad (kvartiilid 12-16 mm) ning neil esines sulgi, mille saki pikkus ulatus alla 10 mm (Joonis 14). F1-hübriidid olid valdavalt vahepealsed (kvartiilid 10-16 mm), kuna neil esines rohkem suur-konnakotkale omaseid pikki sakke, aga keskmine saki pikkus oli võrdne väike-konnakotka omaga (Joonis 14). Suled, millel polnud liik määratud, sarnanesid jällegi väike-konnakotkastega. Olulist erinevust rühmade vahel ei leitud ( $F_{4, 248} = 1,7$ ;  $P = 0,14$ ).



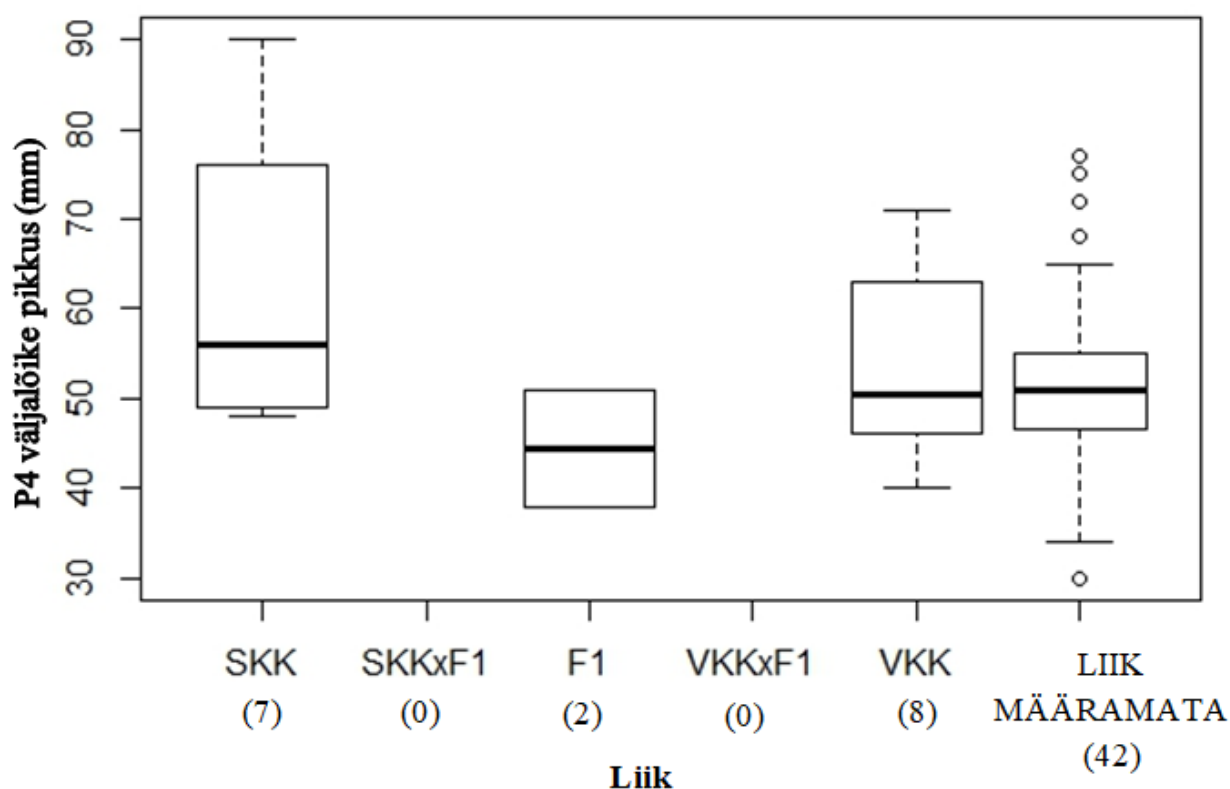
**Joonis 14.** Saki pikkus (mm) kahe konnakotkaliigi ja nende hübriidide sulgedel. Jäme joon tähistab mediaani, karp kvartiile, mille vahele jääb pool valimi väärtustest ja vurrud miinimum- ja maksimumväärtusi. Iga rühma nimetuse juures on esitatud uuritud sulgede arv.

Sule kogupikkuse ja saki pikkuse vahel seos puudus ( $r = 0,04$ ;  $n = 253$ ;  $P = 0,51$ ) (Joonis 15).



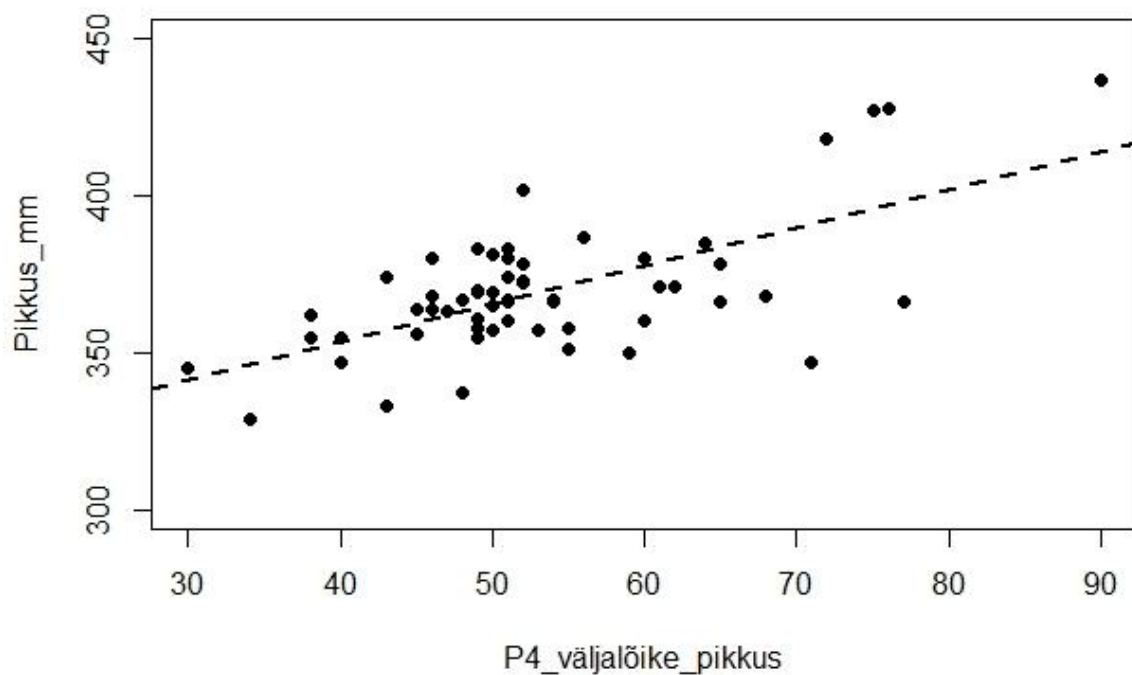
**Joonis 15.** Saki pikkuse seos sule pikkusega. Punktiirjoonega on esitatud tunnuste vaheline lineaarne seos.

P4 väljalõike pikkuse poolest olid suur-konnakotka suled kõige pikema väljalõikega (kvartiilid 50-78 mm ja maksimaalne pikkus 90 mm). Väike-konnakotka suled olid valdavalt lühema väljalõikega (kvartiilid 49-65 mm ja maksimaalne pikkus 71 mm) kui suur-konnakotka omad ning F1-hübriidid keskmiselt kõige lühema välja lõikega (Joonis 16). Suur-konnakotkaste ja väike-konnakotkaste vahel puudus oluline erinevus ( $P=0,2$ ). Hübriidel oli väike-konnakotkastega ( $P=0,65$ ) erinevus mitte oluline ning suur-konnakotkastega ( $P=0,08$ ) napilt mitte oluline. Määramata suled olid tulemuse poolest sarnased väike-konnakotkastega, kuid oli ka sulgi, mis ulatusid nii suur-konnakotka tasemele kui ka allapoole mediaani (Joonis 16). Rühmadevaheline erinevus oli napilt oluline ( $F_{3, 55} = 3,5$ ;  $P= 0,02$ ), see tulenes erinevusest suur-konnakotkaste ja määramata sulgede vahel ( $P = 0,02$ ).



**Joonis 16.** P4 väljalõike pikkus (mm) kahe konnakotkaliigi ja nende hübriidide sulgedel. Jäme joon tähistab mediaani, karp kvartiile, mille vahele jääb pool valimi väärtustest ja vurrud miinimum- ja maksimumväärtusi. Iga rühma nimetuse juures on esitatud uuritud sulgede arv.

Sule kogupikkuse ja P4 väljalõike pikkuse vahel oli oluline seos ( $r = 0,65$ ;  $n = 59$ ;  $P < 0,001$ ) (Joonis 17).



**Joonis 17.** P4 väljalõike pikkuse (mm) seos sule pikkusega. Punktiirjoonega on esitatud tunnuste vaheline lineaarne seos.

Parimaks universaalseks tunnuseks igal sulerühmal oli tunnus või tunnuse kombinatsioon, mis sisaldas *suhtelise pikkuse erinevust*. Rühmal P1 oli parimaks mudeliks tunnuste kombinatsioon, mis hõlmas lisaks tunnusele *suhtelise pikkuse erinevus* ka rühmale omast tunnust *terav tipp* ning paremuselt teine universaalne tunnus *siselabavöötide arv*. Kõik P2-P3 rühmal esinevad tunnused näitasid head tulemust eristamiseks konnakotkaliike. Rühmal P4 olid parimateks tunnusteks nii *suhtelise pikkuse erinevus* ning P4 rühmale omane tunnus *P4 väljalõike pikkus*. P5-P10 rühmal oli parimaks mudeliks *suhtelise pikkuse erinevus*, *saki pikkus* ja *kuldne triip* kombinatsioon. Sekundaaride (S1-S6) ja tüürsulgede (T1-T6) parimad mudelid koosnesid kahest parimast universaalsest tunnusest - *suhtelise pikkuse erinevus* ja *siselabavöötide arv*. (Tabel 2)

**Tabel 2.** Liikide eristamiseks konstrueeritud parimad multinomiaalse regressiooni mudelid sulerühmade kaupa. Iga rühma puhul on esitatud parim mudel ning teised mudelid, mille AIC väärtuse kasv oli väiksem kui 2.

Sulerühm	Tunnused	AIC
P1	Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + Terav tipp	115.3
P2-P3	Suhtelise pikkuse erinevus + Hõre ja hele äär	145.2
	Suhtelise pikkuse erinevus	145.8
	Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv	146.7
P4	Suhtelise pikkuse erinevus	97.4
	Suhtelise pikkuse erinevus + P4 väljalõige	99
P5-P10	Suhtelise pikkuse erinevus + Saki pikkus + Kuldne triip	460.1
S1-S6	Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv	570.3
T1-T6	Suhtelise pikkuse erinevus	319.4
	Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv	321.1

## 4. ARUTELU

### 4.1 Sulgede morfoloogia kasutusvõimalused konnakotkauuringutes

Varasemaid põhjalike uuringuid konnakotkaste eristamisest sulgede morfoloogia põhjal on autor varasemalt teinud bakalaureuse töö raames (Rohtla 2018). Lisaks on varem sulgi kasutatud hindamaks konnakotkaste suhtelise suuruse mõju sigimisedukusele kõrge ja madala saagirohkusega aastatel. Uuringus leiti, et konnakotka suurus on seotud madala saagikusega aastatel, aga mitte kõrge saagikusega aastatel (Lõhmus & Väli 2004). Sulgi on kasutatud ka konnakotkaste eristamisel vastavates sulemäärajates. Üldistatult hinnati, et kahe konnakotkaliigi suurused kattuvad omavahel märkimisväärselt, mistõttu kindlaid tunnuseid ei suudetud kirjeldada (Cieślak & Dul 2006: 69). Lisaks toodi välja, et P4 sule kuju, mille ülemine osa on pisut pikem ja paremini eristatav suur-konnakotkastel, saab kasutada konnakotkaste lennusiluettide tuvastamiseks, kuid see pole väga tõhus viis konkreetsete sulgede eristamiseks (Cieślak & Dul 2006: 69,71).

Käesoleva töö tulemuste tõlgendamisel tuleb arvestada, et sarnaselt varasemalt tehtud uuringutega oli ka käesolevas töös suur-konnakotka, hübriidide ja tagasiristandid märkimisväärselt vähem esindatud kui väike-konnakotkad. Valimi väiksus oli ilmselt põhjuseks, miks mitmed leitud erinevused jäid mitteoluliseks või olulisuse piirile. Seega on käesolevas töös uuritud tunnuste põhjalikumaks analüüsiks teatud sulerühmade osas kindlasti vajalik valimi suurendamine. Lisaks tuleb arvestada ka linnu sugu, vanust ja sule üldist seisukorda, mis mõjutab sule väljanägemist ja suurust. Näiteks võib kvalitatiivsete tunnuste hindamist mõjutada sule kahjustusaste. Siiski ei tohiks see mõjutada spetsiifiliselt teatud rühma ning seeläbi käesoleva töö tulemusi. Kvantitatiivseid tunnuseid (nt sule pikkust) mõjutab linnu sugu ja kuna konnakotkastel on emaslinnud märkimisväärselt suuremad kui isaslinnud, siis ei pruugi keskmiselt lühemad suled pärineda väikest kasvu emaslinnult, vaid hoopis normaalse kasvuga isaslinnult. Samas olid suled enamasti korjatud otse pesast, kus emaslind viibib tihedamini kui isaslind, seetõttu oli isaslindude sulgede arv antud töös suhteliselt väike - üle 90% pesade juurest leitud sulgedest pärines emaslindudel (Lõhmus & Väli 2004). Ehkki sugude mitteeristamine suurendab tulemuste varieeruvust rühmade sees, on see mõju ühesugune kõigis rühmades ning ei mõjuta oluliselt rühmade keskmiste väärtuste erinevusi. Liati on konkreetsete sulgede järgi konnakotkaliigi määramine praktikas vajalik eeskätt välitingimustes, kus geneetilise meetodiga soomääramine ei ole võimalik.

## 4.2 Kvalitatiivsed tunnused

Tunnus *kuldne triip* polnud domineeriv ühegi grupi puhul, kuid selle esinemine enam kui pooltel väike-konnakotkastest ning puudumine enamikul suur-konnakotkastel näitas tunnuse potentsiaali kahe konnakotkaliigi eristamisel. Enamikul F1-hübriididest ei esinenud seda tunnust, mistõttu olid F1-hübriidid sarnased just suur-konnakotkastele. Määramata sulgede grupis esines tunnus sarnaselt väike-konnakotkastele, mistõttu võib arvata, et enamuse määramata sulgi on just väike-konnakotka omad (sellele viitasid ka kõik järgnevad tunnused). Tagasiristunud isendite sulgedest oli ainult paar sulge antud tunnusega, mistõttu neid gruppe analüüsides pole esindatud. Tunnuse laiem kasutamine võib olla problemaatiline, kuna selle esinemise määratlus on subjektiivne ning oleneb vaatelejust.

Tunnuse *hõre ja hele äär* puhul esinemise sagedus oli F1-hübriididel mõlema vanemliigi vahepealne. Kuna tunnus esines üle poole väike-konnakotka sulgedel, aga ühelgi suur-konnakotka suljel, näitas see tunnus samuti potentsiaali kahe konnakotka liigi eristamisel. Tunnus oli visuaalselt kergemini eristatavam kui *kuldne triip*.

Tunnuse *terav tipp* analüüsi tulemused näitasid, et tegu on potentsiaalselt hea eristamistunnusega, kuna enamikul väike-konnakotkastel see tunnus esines ning enamikul suur-konnakotkastel mitte. Selle tunnuse analüüs kannatas siiski valimi väiksuse tõttu, kuna nii suur-konnakotka ja hübriidide sulgi antud tunnusega oli mõlemat ainult kolm.

Tunnuste *hõre ja hele äär* ja *terav tipp* koos esinemine kannatas samuti valimi väiksuse tõttu, kuna need kaks tunnust esinesid koos ainult ühel suletüübil (P1), mistõttu oli suur-konnakotkal ja F1-hübriidil ainult kolm sulge. Väike-konnakotka eristamiseks võib tegu olla potentsiaalselt heade tunnustega, kuna üle pooltel väike-konnakotkaste sulgedel need tunnused esinesid.

Tunnuse *sisemise sulelaba tooni* poolest olid kaks konnakotka liiki ning hübriidid väga sarnased – mõlemad registreeritud värvitoonid jaotusid enam-vähem võrdselt kõigis rühmades. Seega pole see tunnus liikide eristamisel kuigi suure potentsiaaliga.

## 4.3 Kvantitatiivsed tunnused

Tunnuse *sule suhteline pikkus* juurest täheldati märkimisväärseid erinevusi kahe konnakotkaliigi ja nende hübriidide vahel. F1-hübriidide sulgede pikkused jäid valdavalt kahe

vanemliigi tunnuste väärtuste vahele, see tähendab, et tunnus ei olnud dominantne. Tunnus näitas potentsiaali ka kahe vanemliigi eristamisel, kuna pikkuse erinevuse vahemikud olid märkimisväärselt suured, kuid peab arvestama, et erandeid võib alati esineda. Miinimum erines märgatavalt rohkem kui maksimum, kuna tõenäoliselt olid uuritud sulgede seas väiksemakasvuliste isaste konnakotkaste sulgi. Tagasiristunud isendite puhul jäid tulemused ühe vanemliigi ja hübriidide vahele, mis näitab, et sarnaselt hübriididele on tagasiristandid ka vahepealsete tunnustega. Samas võrreldes teiste gruppidega oli tagasiristandite sulgede arv märgatavalt väiksem. Vaadates tunnust suletüüpide kaupa oli näha sarnast tulemust – kahe vanemliigi vahel olid märkimisväärsed erinevused ning F1-hübriididel see tunnus ei domineerinud, vaid jäi kahe liigiga võrreldes vahepealseks. Kõige paremini määratav suletüüp oli labahoosulgede grupp, mis näitas olulist erinevust nii kahe vanemliigi kui ka F1-hübriidide eristamiselt. Künrahoosulgede ja tüürsulgede grupid näitasid olulist erinevust kahe vanemliigi vahel, kuid ainult suur-konnakotkaste ja F1-hübriidide eristamisel – erinevus väike-konnakotka ja F1-hübriidide vahel jäi mitte oluliseks.

Suur- ja väike-konnakotkad erinesid *siselabavöötide arvu* puhul märkimisväärselt, seega omas see tunnus potentsiaali eristamistunnusena. F1-hübriididel esines väike-konnakotka dominantsus tunnus – suurem osa sulgi olid pigem rohke vöötide arvuga kui vähese vöötide arvuga. See võis olla tingitud sellest, et F1-hübriididel võivad noorlindude tunnused jääda püsima ka vanemas eas (Väli 2010). Siiski on ka väike-konnakotkaste vanalindudel täheldatud noorlindude sulestiku tunnuseid (Meyburg 2005), kuid mitte suur-konnakotkastel (Väli 2010). Suletüüpide kaupa tunnust uurides olid tulemused väga sarnased – F1-hübriidid ja väike-konnakotkad olid kõige vöödilisemad ja suur-konnakotkastel kas vöödid puudusid või oli ainult vähesed. Varasemad uuringud (Cieślak & Dul 2006: 71) on täheldanud, et ainuke märkimisväärne erinevus kahe liigi sulgede vahel on suur-konnakotkaste tüürsulgedel, millel puuduvad vöödid, seda näitas ka käesolev töö. Niisiis saab seda tunnust kasutada liikide eristamiseks isegi siis kui suletüüpi pole eristatud, kuid eriti suure potentsiaaliga on tunnus tüürsulgede eristamisel.

*Saki pikkuse* poolest olid grupid sarnased, kuid valdavalt jäi kõige lühema saki pikkusega grupiks väike-konnakotkas. Kuigi keskmiste poolest olid kõik grupid praktiliselt võrdsed olid kvartiilide suured vahemikud nii suur-konnakotkastel kui ka väike-konnakotkastel märgatavad eristamistunnused. F1-hübriididel dominantsust ei esinenud, kuna suled olid vahepealsete tunnustega. Liikidevahelisel eristamisel pidi sarnaselt arvestama sellega, et erandeid võis igast grupist esineda. Tunnuse *saki pikkus* väärtust vähendab asjaolu, et see



tunnus sõltus oluliselt sule kogupikkusest – pikematel sulgedel esines ka pikemad sakipikkused. Niisiis pole tegemist sõltumatu tunnusega.

*P4 väljalõike pikkuse* poolest oli märgata erinevusi gruppide vahel, kuid keskmiselt olid grupid suhteliselt võrdsed. Enamustel suur-konnakotka sulgedel olid pikemad väljalõike pikkused ning F1-hübriididel valdavalt kõige lühemad. Seda tunnust mõjutas oluliselt väike valimi suurus, kuna tunnus oli omane ainult P4 sulele, selletõttu oli sulgede arv märgatavalt väiksem võrreldes eelnevate tunnustega. Kuigi tunnus ise ei andnud oluliselt head tulemust, andis *P4 väljalõike pikkus* ja sule kogupikkus olulise seose.

Multinomiinalse regressioonianalüüsi tulemused näitasid, et universaalselt parimaks tunnuseks oli *sule suhteline pikkus*, kuna see oli igas sulerühmas oluliselt hea tulemusega nii üksiku tunnuseks kui ka tunnuste kombinatsioonides. Teiseks parimaks tunnuseks sai *siselabavöötide arv*, mis näitas head tulemust enamustes sulerühmades, sarnaselt nii tunnuste kombinatsioonides kui üksiku tunnuseks. Ülejäänud töös olevad tunnused olid kasutatavad kombineerituna ühe või kahe parima ja universaalse tunnusega, aga mitte iseseisvalt.

## KOKKUVÕTE

Lõputöö eesmärgiks oli välja töötada meetod suur-konnakotka ja väike-konnakotka, nende hübriidide ja tagasiristandite praktiliseks eristamiseks sulgede morfoloogia abil. Selleks määrati kõigepealt geneetiliste meetoditega kindlaks erinevat tüüpi sulgede liigiline kuuluvus, mis võimaldaks tuvastada seoseid konnakotka liigikompleksi ja sulgede morfoloogiliste tunnuste vahel. Seejärel selgitati statistiliste mudelite abil välja kõige paremad sulgede morfoloogilised tunnused määramaks konnakotka liiki või hübriidide esinemist.

Kontrolliti kaheksat tunnust. Tunnused *sule suhteline pikkus* ja *siselabavöötide arv* omasid märkimisväärset erinevust kahe konnakotkaliigi, nende hübriidide ja tagasiristandite vahel ning seetõttu olid universaalselt kaks parimat tunnust. Väiksemad erinevused leiti tunnuste *kuldne triip*, *hõre/hele äär* ja *saki pikkus* puhul, kõige vähem näitas potentsiaali eristamistunnusena *sisemise sulelaba toon*. *Terav tipp* ja *P4 väljalõike pikkus* vajaksid valimi suurendamist, kuna need tunnused esinesid ainult ühel suletüübil (*terav tipp* P1 sulel ja *P4 väljalõike pikkus* P4 sulel), kuid näitasid üles potentsiaali heaks eristamistunnuseks olemisega. Hübriidide suled olid sarnased ühele vanemliigile või vahepealsed, mida on varem täheldatud ka lindude sulestiku ja mõõtmete uuringutes. F1- hübriidide eristamiseks kõrge potentsiaaliga tunnust ei leitud, kuid kõige märgatavamad erinevused kujunesid välja tunnuses *siselabavöötide arv*, milles F1-hübriididel oli järjepidevalt kõige kõrgem vöötide arv. Tagasiristandite tulemused kannatasid valimisi vähesuse tõttu, kuid tunnus *sule suhteline pikkus* hindas tagasiristandeid kui vahepealsete tunnustega, sarnaselt hübriididega, mida peaks edasi uurima. Multinomiaalne regressioonanalüüs kinnitas, et kaks parimat tunnust on *sule suhteline pikkus* ja *siselabavöötide arv* ning ülejäänud on kasulikud lisatunnused, kui neid kombineerida koos kahe parima tunnusega.

Lõputööga saavutati tööeesmärk leida meetodeid, kuidas praktikas eristada üksteisest kaht konnakotkaliiki, nende 1. põlvkonna hübriide ja tagasiristandeid. Kaheksast uuritud tunnusest osutus enamus neist potentsiaalseteks eristamistunnusteks, millest osad olid kõrgema ja teised madalama potentsiaaliga. Tuleb rõhutada, et osad tunnused töötavad paremini kombinatsioonides kui eraldi vaadatuna, mida tuleks ka praktikas arvestada. Käesolevas töös olid valimi suurused teatud gruppides piiratud, eriti hübriidide ja tagasiristandite puhul, ning seetõttu tuleks tuvastatud potentsiaalsete tunnuste kasutatavuse kinnitamiseks valimit tulevikus suurendada nendes valitud gruppides.

## KASUTATUD KIRJANDUS

**Aliabadian, M., Nijman, V.** (2007). Avian hybrids: incidence and geographic distribution of hybridisation in birds. *Contr. Zool.* 76: 59–61.

**Anderson, E. C. & Thompson, E. A.** (2002). A model-based method for identifying species hybrids using multilocus genetic data. *Genetics* 160: 1217–1229.

**BirdLife International.** (2015a). *Clanga clanga*. The IUCN Red List of Threatened Species: e.T22696027A60128603 <https://www.iucnredlist.org/species/22696027/60128603#population>

**BirdLife International.** (2015b). *Clanga pomarina*. The IUCN Red List of Threatened Species 2015: e.T22696022A60127921.

<https://www.iucnredlist.org/species/22696022/60127921#population>

**BirdLife International.** (2016). *Clanga pomarina*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T22696022A93539187.

<https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2016-3.RLTS.T22696022A93539187.en>.

**BirdLife International.** (2017). *Clanga clanga* (amended version of 2016 assessment). *The IUCN Red List of Threatened Species* 2017: e.T22696027A110443604.

<https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2017-1.RLTS.T22696027A110443604.en>.

**BirdLife International** (2021a) Species factsheet: *Clanga clanga*.

<http://datazone.birdlife.org/species/factsheet/greater-spotted-eagle-clanga-clanga/text>

**BirdLife International** (2021b) Species factsheet: *Clanga pomarina*.

<http://datazone.birdlife.org/species/factsheet/lesser-spotted-eagle-clanga-pomarina/text>

**Brom, T. G.** (1986). Microscopic identification of feathers and feather fragments of Palearctic birds. *Bijdragen tot de Dierkunde*, 56, 181-204.

**Cieślak, M., Dul, B.** (2006). Feathers: identification for bird conservation. Natura Publishing House. lk 11;69;71

**Dove, C. J.** (1997). Quantification of microscopic feather characters used in the identification of North American plovers. *Condor*, 47-57.

**Eaton, M. D., Lanyon, S. M.** (2003). The ubiquity of avian ultraviolet plumage reflectance. *Proc. R. Soc. Lond. B* 270: 1721–1726.

**Elts, J., Leito, A., Leivits, M., Luigujõe, L., Nellis, R., Ots, M., Tammekänd, I & Väli, Ü.** (2019). Eesti lindude staatus, pesitsusaegne ja talvine arvukus 2013–2017. *Hirundo* 2019 32 (1) 1-39

**Feldhamer, G. A., Drickamer, L. C., Vessey, S. H., Merritt, J. F., & Krajewski, C.** (2007). *Mammalogy: adaptation, diversity, ecology*. JHU press.  
<https://hfmoconservationandscience.weebly.com/ecological-rules-and-processes/allens-rule>

**Fülöp, A., Kovács, I., Baltag, E., Daróczi, S. J., Dehelean, A. S., Dehelean, L. A., Kis, R. B., Komáromi, I. S., Latková, H., Miholcsa, T., Nagy, A., Ölvedi, S. Z., Papp, T., Sándor, A. K., Zeitz, R. and Kelemen, M. A.** (2014). Autumn migration of soaring birds at Bosphorus: validating a new survey station design. *Bird Study* 61(2): 264-269.

**Hausmann, F., Arnold, K. E., Marshall, N. J. & Owens, I. P. F.** (2002). Ultraviolet signals in birds are special. *Proc. R. Soc. Lond. B* 270: 61–67.

**Helbig, A. J., Seibold, I., Kocum, A., Liebers, D., Irwin, J., Bergmanis, U., Meyburg, B. U., Scheller, W., Stubbe, M., Bensch, S.** (2005). Genetic differentiation and hybridization between greater and lesser spotted eagles (Accipitriformes: *Aquila clanga*, *A. pomarina*). *Journal of Ornithology*, 146(3), 226-234.

**Horvath, M. B., Martinez-Cruz, B., Negro, J. J., Kalmar, L., Godoy, J. A.** (2005). An overlooked DNA source for non-invasive genetic analysis in birds. *Journal of Avian Biology*, 36, 84–88

**Lefort, M. C., Cruickshank, R. H., Descovich, K., Adams, N. J., Barun, A., Emami-Khoyi, A., Ridden, J., Smith, V. R., Sprague, R., Waterhouse, B. R., Boyer, S.** (2019). Blood, sweat and tears: a review of non-invasive DNA sampling. <https://doi.org/10.1101/385120>

**Lewontin, R.** (1991). 25 years ago in genetics: Electrophoresis in the development of evolutionary genetics: milestone or millstone. *Genetics* 128: 657-662.

**Lontkowski, J., Maciorowski, G.** (2010). Identification of juvenile Greater Spotted Eagle, Lesser Spotted Eagle and hybrids. *Dutch Birding*, 32, 384-397.

**Lõhmus, A.** (1998). Suur- ja väike-konnakotka arvukusest Eestis. *Hirundo*.  
<https://www.eoy.ee/hirundo/arhiiv/38/hirundo-1-1998>

**Lõhmus, A., Väli, Ü.** (2001). Interbreeding of the greater *Aquila clanga* and lesser spotted eagle *A. pomarina*. *Acta ornithoecol*, 4, 377-384.

- Lõhmus, A., Väli, Ü.** (2004). The effects of habitat quality and female size on the productivity of the lesser spotted eagle *Aquila pomarina* in the light of the alternative prey hypothesis. *Journal of Avian Biology*, 35, 455-464.
- Lõhmus, A., Väli, Ü.** (2005). Habitat use by the Vulnerable greater spotted eagle *Aquila clanga* interbreeding with the lesser spotted eagle *Aquila pomarina* in Estonia. *Oryx*, 39(2), 170-177.
- Maciorowski, G., Mirski, P., Väli, Ü.** (2015a). Hybridisation Dynamics between the Greater Spotted Eagles *Aquila clanga* and Lesser Spotted Eagles *Aquila pomarina* in the Biebrza River Valley (NE Poland). *Acta ornithologica*, 50(1), 33-41.
- Maciorowski, G., Mirski, P., Kardel, I., Stelmaszczyk, M., Mirosław-Swiaćtek, D., Chorman'ski, J., Okruszko, T.** (2015b). Water regime as a key factor differentiating habitats of spotted eagles *Aquila clanga* and *Aquila pomarina* in Biebrza Valley (NE Poland). *Bird Study*, 62(1), 120-125.
- Meiri, S., Yom-Tov, Y. & Geffen, E.** (2007). What determines conformity to Bergmann's rule? *Global Ecology and Biogeography*, 16, 788-794. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2007.00330.x>
- Meyburg B.-U., Belka T., Danko S., Wójciak J., Heise G., Blohm T., Matthes H.** (2005). Geschlechtsreife, Ansiedlungsentfernung, Alter und Todesursachen beim Schreiadler *Aquila pomarina*. *Limicola* 19: 153–179.
- Nudds, L. R. & Oswald, A. S.** (2007). An interspecific test of Allen's rule: evolutionary implications for endothermic species. *Evolution* Volume 61, Issue 12 p. 2839-2848. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.2007.00242.x>
- Pakkasmaa, S. & Piironen, J.** (2000). Morphological differentiation among local trout (*Salmo trutta*) populations. *Biological Journal of the Linnean Society* (2001), 72: 231-239. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2001.tb01313.x>
- Pearce, J. M., Fields, R. L., Scribner, K. T.** (1997). Nest materials as a source of genetic data for avian ecological studies. *Journal of Field Ornithology*, 68, 471–481.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. & Donnelly, P.** (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945–959.
- Randi, E., Lucchini, V.** (2002). Detecting rare introgression of domestic dog genes into wild wolf (*Canis lupus*) populations by Bayesian admixture analyses of microsatellite variation. *Conserv. Genet.* 3: 3145.
- Randler, C.** (2002). Avian hybridization, mixed pairing and female choice. *Anim. Behav.* 63: 103–119.

**Rohtla, F.** (2018). Liikide ja hübriidide eristamine Eesti konnakotkapopulatsioonis sulgede morfoloogia põhjal. Eesti Maaülikool. Põllumajandus- ja keskkonna instituut.

**Romano, A., Sechaud, R & Roulin, A.** (2019). Geographical variation in bill size provides evidence for Allen's rule in a cosmopolitan raptor. *Global Ecol Biogeogr.* 2020;29:65-75. <https://doi.org/10.1111/geb.13007>

**Romano, A., Sechaud, R & Roulin, A.** (2020). Generalized evidence for Bergmann's rule: body size variation in a cosmopolitan owl genus. *J.Biogeogr*2021;48:51-63 <https://doi.org/10.1111/jbi.13981>

**Rudnick, J. A., Katzner, T. E., Bragin, E. A., Rhodes, O. E., DeWoody, J. A.** (2005). Using naturally shed feathers for individual identification, genetic parentage analyses, and population monitoring in an endangered Eastern imperial eagle (*Aquila heliaca*) population from Kazakhstan. *Molecular Ecology*, 14(10), 2959-2967.

**Rudnick, J. A., Katzner, T. E., Bragin, E. A., DeWoody, J. A.** (2007). Species identification of birds through genetic analysis of naturally shed feathers. *Molecular Ecology Resources*, 7(5), 757-762.

**Salewski, V & Watt, C.** (2016). Bergmann's rule: A biophysiological rule examined in birds. *Oikos*. 126. 10.1111/oik.03698.

[https://www.researchgate.net/publication/305644711\\_Bergmann's\\_rule\\_A\\_biophysiological\\_rule\\_examined\\_in\\_birds](https://www.researchgate.net/publication/305644711_Bergmann's_rule_A_biophysiological_rule_examined_in_birds)

**Segelbacher, G.** (2002). Noninvasive genetic analysis in birds: testing reliability of feather samples. *Molecular Ecology Notes*, 2, 367–369.

**Zemanova, A. M.** (2020). Towards more compassionate wildlife research through the 3Rs principles: moving from invasive to non-invasive methods. *Wildlife Biology*, 2020(1). <https://doi.org/10.2981/wlb.00607>

**Taberlet, P., Luikart, G.** (2008). Non-invasive genetic sampling and individual identification *Biological Journal of the Linnean Society*, Volume 68, Issue 1-2, 1 September 1999, Pages 41–55.

**Väli, Ü.** (2003). Väike-konnakotkas ja tema kaitse Eestis. *Hirundo Supplementum* 6. lk 4

**Väli, Ü.** (2004). The greater spotted eagle *Aquila clanga* and the lesser spotted eagle *A.pomarina*: taxonomy, phylogeography and ecology. Tartu 2004.

<http://dspace.ut.ee/bitstream/handle/10062/1293/Vali.pdf>

**Väli, Ü.** (2010). Successful breeding of a ten-year-old hybrid spotted eagle *Aquila clanga* × *A. pomarina* retaining immature plumage characters. *Ardea* 98: 235–241.

**Väli, Ü.** (2011). Numbers and hybridization of spotted eagles in Estonia as revealed by country-wide field observations and genetic analysis. *Est. J. Ecol*, 60, 143-154.

**Väli, Ü.** (2015). Monitoring of spotted eagles in Estonia in 1994–2014: Stability of the lesser spotted eagle (*Aquila pomarina*) and decline of the greater spotted eagle (*A. clanga*). *Slovak Raptor Journal*, 9(1), 55-64.

**Väli, Ü & Lõhmus, A.** (2000). Suur-konnakotkas ja tema kaitse Eestis. *Hirundo Supplementum* 3. lk 6

**Väli, Ü., Lõhmus, A.** (2004). Nestling characteristics and identification of the lesser spotted eagle *Aquila pomarina*, greater spotted eagle *A. clanga*, and their hybrids. *Journal of Ornithology*, 145(3), 256-263.

**Väli, Ü., Dombrovski, V., Treinys, R., Bergmanis, U., Daroczi, S. J., Dravecky, M., Ivanovski, V., Lontkowski, J., Maciorowski, G., Meyburg, B. U., Mizera, T., Zeitz, R., Ellegren, H.** (2010a). Widespread hybridization between the Greater spotted eagle *Aquila clanga* and the Lesser spotted eagle *Aquila pomarina* (Aves: Accipitriformes) in Europe. *Biological Journal of the Linnean Society* 100, no. 3 (2010): 725-736.

**Väli, Ü., Saag, P., Dombrovski, V., Meyburg, B. U., Maciorowski, G., Mizera, T., Treinys, R., Fagerberg, S.** (2010b). Microsatellites and single nucleotide polymorphisms in avian hybrid identification: a comparative case study. *Journal of Avian Biology*, 41(1), 34-49.

**Väli, Ü., Dombrovski, V., Dzmitranok, M., Maciorowski, G & Meyburg, U, B.** (2019). High genetic diversity and low differentiation retained in the European fragmented and declining Greater Spotted Eagle (*Clanga clanga*) population. *Sci Rep* 9, 3064 <https://doi.org/10.1038/s41598-019-39187-1>

**Winker, K.** (2010). On the Origin of Species Through Heteropatric Differentiation: A Review and a Model of Speciation in Migratory Animals. *Ornithological Monographs* No. 69. <https://doi.org/10.1525/om.2010.69.1.1>

**Wirtz, P.** (1999). Mother species–father species: unidirectional hybridization in animals with female choice. *Animal Behaviour* 58: 1–12.

## SUMMARY

The purpose of this masters thesis was to find potential solutions to distinguish between the two spotted eagle species, their hybrids and backcrosses by analysing their feather morphology.

Eight morphological features were examined. Features *difference in length* and *number of bars on feather* showed notable differences between the two spotted eagle species their hybrids and backcrosses – therefore they were the two best universal features. Smaller differences were found in features *golden stripe*, *thin/light edge* and *length of inner emargination angle*. *Tone of the inner web* showed the least potential of the eight features. *Edged tip* and *P4 cutout* needs an increase in feather sample selection, because these features are unique to one feather type (*edged tip* for P1 feathers and *P4 cutout* for P4 feathers). But these did show potential for being good features the two spotted eagle species and their hybrids. Feathers from hybrids were either similar to one parent species or had intermediate features, which has also been observed before in bird plumage and proportion studies. No features with high potential were found to distinguish F1-hybrids, but the most noticeable differences were seen in the feature *number of bars on feather*, where consistently F1-hybrids had the highest amount of bars. Results for backcrosses suffered from the lack feather samples, but feature *difference in length* assessed backcrosses to have intermediate features, similar to hybrids, which should be researched more. The regression analysis confirmed that the two best features were *difference in length* and *number of bars on feather*. The rest are good features when combined with either of the two best features.

The aim of finding potential solutions to distinguish between the two spotted eagle species and their hybrids were achieved. Majority of the eight studied features showed potential of being a distinguishing feature, with some having high and others lower potential. It is worth emphasizing that some of the features work better in different feature combinations than on their own, which should be taken into consideration in fieldwork. The feather selection of this thesis was limited in certain groups, especially hybrids and backcrosses, hence the potential features that were examined in this thesis need to be further studied by increasing the sample size of those groups.



## LISAD

Lisa 1. Tunnuse *kuldne triip* asukoht sulel



**Lisa 2. Tunnuse *hõre ja hele* äär asukoht sulel**



**Lisa 3. Tunnuse *terav tipp* asukoht sulel**



**Lisa 4. Tunnuste *sisemise sulelaba toon* ja *saki pikkus* asukohad sulel**



**Lisa 5. Tunnuse *siselabavöötide arv* asukoht sulel**



**Lisa 6. Tunnuse *P4* väljalõike pikkus asukoht sulel**



**Lisa 7. Mikrosatelliitide ja markerite nimekiri ning nende pikkused  
(nukleotiidide arv)**

<b>Mikrosatelliit/SNP</b>	<b>Markerid</b>	<b>Suurused</b>
Mikrosatelliit	Aa49	147-165
Mikrosatelliit	Aa35	234-270
Mikrosatelliit	Aa26	142-168
Mikrosatelliit	Aa43	108-140
Mikrosatelliit	Aa02	127-135
Mikrosatelliit	Aa57	108-114
Mikrosatelliit	Aa27	87-95
Mikrosatelliit	Aa53	128-142
Mikrosatelliit	Aa12	122-134
Mikrosatelliit	Aa15	195-207
Mikrosatelliit	Aa39	162-176
Mikrosatelliit	Hal1	112-116
Mikrosatelliit	Hal9	132-138
Mikrosatelliit	Hal4	144-182
Mikrosatelliit	Hal7	139-155
Mikrosatelliit	Hal13	142-160
Mikrosatelliit	Hal18	140-152
Mikrosatelliit	IE12	126-138
Mikrosatelliit	IE04	200-228
Mikrosatelliit	IE13	244-260
Mikrosatelliit	IE11	330-380
Mikrosatelliit	IE15	122-144
Mikrosatelliit	IE5	124-160
Mikrosatelliit	IE14	201-209
SNP	5.4	1127 (951)
SNP	4.15	913 (745)
SNP	FIB	1089 (905)
SNP	8.4	704 (603)
SNP	13.3	1224 (1033)

**Lisa 8. P1 sulgedel kasutatud tunnused ja neid sisaldavate multinomiaalsete regressioonimudelite AIC väärtused**

<b>P1 tunnused</b>	<b>AIC</b>
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + Terav tipp	115.3
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär + Terav tipp	118
Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär	119.3
Siselabavöötide arv	119.7
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär	119.9
Siselabavöötide arv + Terav tipp	121.2
Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär + Terav tipp	121.2
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv	121.3
Hõre ja hele äär + Terav tipp	126.7
Hõre ja hele äär	128.8
Suhtelise pikkuse erinevus + Hõre ja hele äär + Terav tipp	128.8
Suhtelise pikkuse erinevus	128.9
Terav tipp	129.1
Suhtelise pikkuse erinevus + Hõre ja hele äär	130
Suhtelise pikkuse erinevus + Terav tipp	131.2



**Lisa 9. P2-P3 sulgedel kasutatud tunnused ja neid sisaldavate multinomiaalsete regressioonimudelite AIC väärtused**

<b>P2-P3 tunnused</b>	<b>AIC</b>
Suhtelise pikkuse erinevus + Hõre ja hele äär	145.2
Suhtelise pikkuse erinevus pikkusest	145.8
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv	146.7
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär	148.2
Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär	169
Hõre ja hele äär	173.7
Siselabavöötide arv	179.5

**Lisa 10. P4 sulgedel kasutatud tunnused ja neid sisaldavate multinomiaalsete regressioonimudelite AIC väärtused**

<b>P4 tunnused</b>	<b>AIC</b>
Suhtelise pikkuse erinevus	97.4
Suhtelise pikkuse erinevus + P4 väljalõige	99
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv	99.9
Suhtelise pikkuse erinevus + Kuldne triip	100.3
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + P4 väljalõige	100.8
Suhtelise pikkuse erinevus + Kuldne triip + P4 väljalõige	102
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + Kuldne triip	103.2
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + Kuldne triip + P4 väljalõige	104.2
Suhtelise pikkuse erinevus + Hõre ja hele äär	105.4
Suhtelise pikkuse erinevus + Hõre ja hele äär + P4 väljalõige	105.5
P4 väljalõige	106.9
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär + P4 väljalõige	108
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär	108.5
Suhtelise pikkuse erinevus + Hõre ja hele äär + Kuldne triip	109
Suhtelise pikkuse erinevus + Hõre ja hele äär + Kuldne triip + P4 väljalõige	109.5
Kuldne triip + P4 väljalõige	110
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär + Kuldne triip + P4 väljalõike pikkus	111.7
Siselabavöötide arv + P4 väljalõige	111.8
Hõre ja hele äär + P4 väljalõige	112
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär + Kuldne triip	112.1
Siselabavöötide arv + Kuldne triip + P4 väljalõige	114.3
Hõre ja hele äär + Kuldne triip + P4 väljalõige	115.3
Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär + P4 väljalõige	116.5
Hõre ja hele äär	119
Kuldne triip	119.3
Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär + Kuldne triip + P4 väljalõige	119.4
Siselabavöötide arv	121.4
Hõre ja hele äär + Kuldne triip	122
Siselabavöötide arv + Kuldne triip	123
Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär	123.6
Siselabavöötide arv + Hõre ja hele äär + Kuldne triip	126.2

**Lisa 11. P5-P10 sulgedel kasutatud tunnused ja neid sisaldavate multinomiaalsete regressioonimudelite AIC väärtused**

<b>P5-P10 tunnused</b>	<b>AIC</b>
Suhtelise pikkuse erinevus + Saki pikkus + Kuldne triip	460.1
Suhtelise pikkuse erinevus + Saki pikkus	464.6
Suhtelise pikkuse erinevus + Saki pikkus + Kuldne triip + Sisemise sulelaba toon	467
Suhtelise pikkuse erinevus + Saki pikkus + Sisemise sulelaba toon	471.8
Saki pikkus + Kuldne triip	485.1
Saki pikkus + Kuldne triip + Sisemise sulelaba toon	491.5
Saki pikkus	495.9
Saki pikkus + Sisemise sulelaba toon	503.4
Suhtelise pikkuse erinevus + Kuldne triip	516.9
Suhtelise pikkuse erinevus	518.5
Suhtelise pikkuse erinevus + Kuldne triip + Sisemise sulelaba toon	526.3
Suhtelise pikkuse erinevus + Sisemise sulelaba toon	528.9
Kuldne triip	557.4
Kuldne triip + Sisemise sulelaba toon	566.8
Sisemise sulelaba toon	578.3

**Lisa 12. S1-S6 sulgedel kasutatud tunnused ja neid sisaldavate multinomiaalsete regressioonimudelite AIC väärtused**

<b>S1-S6 tunnused</b>	<b>AIC</b>
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv	570.3
Suhtelise pikkuse erinevus	574.3
Siselabavöötide arv	660.7

**Lisa 13. T1-T6 sulgedel kasutatud tunnused ja neid sisaldavate multinomiaalsete regressioonimudelite AIC väärtused**

<b>T1-T6 tunnused</b>	<b>AIC</b>
Suhtelise pikkuse erinevus	319.4
Suhtelise pikkuse erinevus + Siselabavöötide arv	321.1
Siselabavöötide arv	400.2

Mina, Freddy Rohtla,  
(sünnipäev (15/08/1996)

1. annan Eesti Maaülikoolile tasuta loa (lihtlitsentsi) enda loodud lõputöö

Konnakotkaste eristamine mitteinvasiivselt kogutud sulgede morfoloogilise ja geneetilise analüüsi põhjal, mille juhendaja on Ülo Väli,

1.1. salvestamiseks säilitamise eesmärgil,

1.2. digiarhiivi DSpace lisamiseks ja

1.3. veebikeskkonnas üldsusele kättesaadavaks tegemiseks pärast tähtajalise piirangu lõppemist

kuni autoriõiguse kehtivuse tähtaja lõppemiseni;

2. olen teadlik, et punktis 1 nimetatud õigused jäävad alles ka autorile;

3. kinnitan, et lihtlitsentsi andmisega ei rikuta teiste isikute intellektuaalomandi ega isikuandmete kaitse seadusest tulenevaid õigusi.

Lõputöö autor

---

allkiri

Tartu, 24.05.2021

**Juhendaja(te) kinnitus lõputöö kaitsmisele lubamise kohta**

Luban lõputöö kaitsmisele.

_____	_____
<i>(juhendaja nimi ja allkiri)</i>	<i>(kuupäev)</i>

_____	_____
<i>(juhendaja nimi ja allkiri)</i>	<i>(kuupäev)</i>